

CRISTIANO LEHRER

**OPERADOR DE SELEÇÃO PARA ALGORITMOS
GENÉTICOS BASEADO NO JOGO *HAWK-DOVE***

FLORIANÓPOLIS – SC

2000

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

CRISTIANO LEHRER

OPERADOR DE SELEÇÃO PARA ALGORITMOS
GENÉTICOS BASEADO NO JOGO *HAWK-DOVE*

Dissertação submetida à Universidade Federal de Santa Catarina como parte dos
requisitos para a obtenção do grau de Mestre em Ciência da Computação

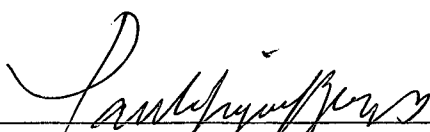
Prof. Paulo Sergio da Silva Borges, Dr.

Florianópolis, Outubro de 2000


OPERADOR DE SELEÇÃO PARA ALGORITMOS GENÉTICOS BASEADO NO JOGO *HAWK-DOVE*

Cristiano Lehrer

Esta Dissertação foi julgada adequada para a obtenção do título de Mestre em Ciência da Computação, Área de Concentração (Sistemas de Conhecimento) e aprovada em sua forma final pelo Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação.

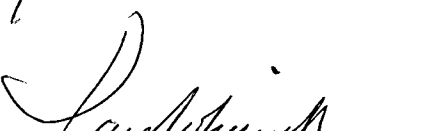


Prof. Paulo Sergio da Silva Borges, Dr.




Prof. Fernando A. Ostuni Gauthier, Dr.

Banca Examinadora



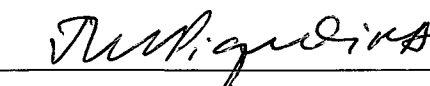
Prof. Paulo Sergio da Silva Borges, Dr.



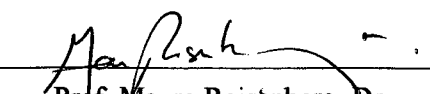
Prof. Fernando A. Ostuni Gauthier, Dr.



Prof. Jorge Muniz Barreto, D. Sc.



Prof. José Roberto Castilho Piqueira, Dr.
Escola Politécnica – USP



Prof. Mauro Roisenberg, Dr.

“Vê mais longe a gaivota que voa mais alto.”

RICHARD BACH

A meus pais.

**Agradeço a todos que auxiliaram, direta ou
indiretamente, no desenvolvimento desse
trabalho, tornando-o uma realidade ao
invés de uma pretensão.**

PUBLICAÇÕES

LEHRER, Cristiano; BORGES, Paulo Sergio da Silva. Operador de seleção para Algoritmos Genéticos baseado no Jogo *Hawk-Dove*. In *I Workshop da Pós-Graduação em Ciência da Computação*, pág. 30. Florianópolis, SC, Maio 2000.

LEHRER, Cristiano; BORGES, Paulo Sergio da Silva. Algoritmos Genéticos com operação de crossover utilizando o Jogo *Hawk-Dove* com fenótipos fixos. In *I Simpósio Catarinense de Computação*, pág. 186-194. Itajaí, SC, Agosto 2000.

SUMÁRIO

PUBLICAÇÕES	i
SUMÁRIO	ii
LISTA DE FIGURAS	iv
LISTA DE TABELAS	x
LISTA DE ABREVIATURAS	xiii
RESUMO	xiv
ABSTRACT	xv
1 INTRODUÇÃO	1
1.1 OBJETIVOS DO TRABALHO	2
1.2 ESTRUTURA DA DISSERTAÇÃO	3
2 ALGORITMOS GENÉTICOS	4
2.1 HISTÓRICO	5
2.2 IMPLEMENTAÇÃO	6
2.2.1 Operação de Seleção	8
2.2.2 Operação de Recombinação	9
2.2.3 Operação de Mutação	11
2.3 APLICAÇÕES	12
3 TEORIA DOS JOGOS	13
3.1 O JOGO <i>HAWK-DOVE</i>	16
3.2 ESTRATÉGIA TIT FOR TAT	19
4 PROPOSTA DO MÉTODO DE SELEÇÃO <i>HAWK-DOVE</i>	20
4.1 MÉTODO <i>HAWK-DOVE</i> ROLETA	21
4.2 MÉTODO ROLETA <i>HAWK-DOVE</i> SEM ALTERAÇÃO DAS PROBABILIDADES DE SELEÇÃO DE CADA CROMOSSOMO NA ROLETA	26
4.3 MÉTODO ROLETA <i>HAWK-DOVE</i> COM ALTERAÇÃO DAS PROBABILIDADES DE SELEÇÃO DE CADA CROMOSSOMO NA ROLETA	30

5	AVALIAÇÃO DOS MÉTODOS	33
5.1	O PROBLEMA DO CAIXEIRO VIAJANTE	34
5.2	IMPLEMENTAÇÃO DA APLICAÇÃO	35
5.3	PLANEJAMENTO DAS SIMULAÇÕES	38
5.4	ANÁLISE DOS TESTES DE HIPÓTESES	40
5.5	ANÁLISE DESCRITIVA DOS RESULTADOS	44
5.6	ANÁLISE DE VARIÂNCIA (ANOVA)	48
5.7	ANÁLISE DO DESENVOLVIMENTO DA RESPOSTA	54
5.8	SIMULAÇÕES DIVERSAS	58
6	CONCLUSÃO	60
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63
	ANEXO A	66
	ANEXO B	69
	ANEXO C	73
	ANEXO D	74
	ANEXO E	79
	ANEXO F	101
	ANEXO G	105
	ANEXO H	113
	ANEXO I	115

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 – Exemplo do método da Roleta	9
Figura 2.2 – Operação de recombinação com um ponto de corte	10
Figura 2.3 – Operação de recombinação com dois pontos de corte	10
Figura 2.4 – Recombinação uniforme	11
Figura 2.5 – Operação de mutação	11
Figura 4.1 – Pseudocódigo do algoritmo com o método HDR	22
Figura 4.2 – População antes do jogo	23
Figura 4.3 – Estado da população após a primeira disputa	23
Figura 4.4 – Estado da população após a segunda disputa	24
Figura 4.5 – Estado da população após a terceira disputa	25
Figura 4.6 – Estado da população após a quarta disputa	25
Figura 4.7 – Roleta da população antes e depois das disputas	26
Figura 4.8 – Pseudocódigo do algoritmo com o método RHDSA	27
Figura 4.9 – Estado da população na Etapa 3.1	28
Figura 4.10 – População depois do primeiro reprodutor ser selecionado	29
Figura 4.11 – População depois do segundo reprodutor ser selecionado	29
Figura 4.12 – Pseudocódigo do algoritmo com o método RHDCA	30
Figura 4.13 – Roleta utilizada para a escolha dos competidores	31
Figura 4.14 – Estado da população	32
Figura 5.1 – Pseudocódigo do método tradicional	33
Figura 5.2 – Exemplo de cromossomo empregado na simulação	36
Figura 5.3 – Cálculo da adaptabilidade do cromossomo empregada na simulação	36
Figura 5.4 – Operação de Recombinação empregada na simulação	37
Figura 5.5 – Operação de mutação empregada na simulação	37
Figura 5.6 – Análise do fator Método para a média da Distância	51
Figura 5.7 – Análise do fator Estratégia para a média da Distância	51
Figura 5.8 – Análise do fator Recombinação para a média da Distância	52
Figura 5.9 – Análise do fator Mutação para a média da Distância	53
Figura 5.10 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para a média da Distância	54
Figura 5.11 – Desenvolvimento do método Tradicional	55

Figura 5.12 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT25	56
Figura 5.13 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT50.....	57
Figura 5.14 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Aleatório	57
Figura E.1 – Histograma da variável Geração pelo método Tradicional	79
Figura E.2 – Histograma da variável Distância pelo método Tradicional	79
Figura E.3 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Aleatório	80
Figura E.4 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Aleatório	80
Figura E.5 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Hawk	81
Figura E.6 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Hawk	81
Figura E.7 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Dove.....	82
Figura E.8 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Dove.....	82
Figura E.9 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT25	83
Figura E.10 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT25	83
Figura E.11 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT50	84
Figura E.12 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT50	84
Figura E.13 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT75	85
Figura E.14 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT75	85
Figura E.15 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Misto	86

Figura E.16 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Misto	86
Figura E.17 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Aleatório	87
Figura E.18 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Aleatório	87
Figura E.19 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Hawk.....	88
Figura E.20 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Hawk.....	88
Figura E.21 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Dove.....	89
Figura E.22 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Dove.....	89
Figura E.23 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT25	90
Figura E.24 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT25	90
Figura E.25 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT50	91
Figura E.26 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT50	91
Figura E.27 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT75	92
Figura E.28 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT75	92
Figura E.29 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Misto	93
Figura E.30 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Misto	93
Figura E.31 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Aleatório	94

Figura E.32 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Aleatório	94
Figura E.33 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Hawk.....	95
Figura E.34 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Hawk.....	95
Figura E.35 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Dove.....	96
Figura E.36 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Dove.....	96
Figura E.37 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT25	97
Figura E.38 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT25	97
Figura E.39 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT50	98
Figura E.40 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT50	98
Figura E.41 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT75	99
Figura E.42 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT75	99
Figura E.43 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Misto.....	100
Figura E.44 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Misto.....	100
Figura F.1 – Rota 1 (20.409 Km).....	101
Figura F.2 – Rota 2 (20.409 Km).....	101
Figura F.3 – Rota 3 (20.409 Km).....	101
Figura F.4 – Rota 4 (20.409 Km).....	101
Figura F.5 – Rota 5 (20.409 Km).....	102
Figura F.6 – Rota 6 (20.409 Km).....	102

Figura F.7 – Rota 7 (20.409 Km).....	102
Figura F.8 – Rota 8 (20.409 Km).....	102
Figura F.9 – Rota 9 (20.409 Km).....	103
Figura F.10 – Rota 10 (20.409 Km).....	103
Figura F.11 – Rota 11 (20.409 Km).....	103
Figura F.12 – Rota 12 (20.409 Km).....	103
Figura F.13 – Rota 13 (20.409 Km).....	104
Figura F.14 – Rota 14 (20.409 Km).....	104
Figura F.15 – Rota 15 (20.409 Km).....	104
Figura F.16 – Rota 16 (20.409 Km).....	104
Figura G.1 – Análise do fator Método para a média da Geração	105
Figura G.2 – Análise do fator Estratégia para a média da Geração.....	105
Figura G.3 – Análise do fator Taxa de recombinação para a média da Geração	106
Figura G.4 – Análise do fator Taxa de mutação para a média da Geração	106
Figura G.5 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para a média da Geração	107
Figura G.6 – Análise do fator Método para o desvio padrão da Geração.....	107
Figura G.7 – Análise do fator Estratégia para o desvio padrão da Geração	108
Figura G.8 – Análise do fator taxa de recombinação para o desvio padrão da Geração.....	108
Figura G.9 – Análise do fator Taxa de mutação para o desvio padrão da Geração.....	109
Figura G.10 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para o desvio padrão da Geração...	109
Figura G.11 – Análise do fator Método para o desvio padrão da Distância	110
Figura G.12 – Análise do fator Estratégia para o desvio padrão da Distância.....	110
Figura G.13 – Análise do fator Taxa de recombinação para o desvio padrão da Distância	111
Figura G.14 – Análise do fator Taxa de mutação para o desvio padrão da Distância ..	111
Figura G.15 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para o desvio padrão da Distância .	112
Figura I.1 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Aleatório	115
Figura I.2 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Hawk.....	115
Figura I.3 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Dove	116
Figura I.4 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT50	116
Figura I.5 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT75	117

Figura I.6 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Misto.....	117
Figura I.7 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Aleatório	118
Figura I.8 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Hawk.....	118
Figura I.9 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Dove	119
Figura I.10 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT25	119
Figura I.11 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT75	120
Figura I.12 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Misto.....	120
Figura I.13 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Hawk	121
Figura I.14 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Dove	121
Figura I.15 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT25.....	122
Figura I.16 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT50.....	122
Figura I.17 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT75.....	123
Figura I.18 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Misto	123

LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1 – Valores do exemplo do método da roleta.....	9
Tabela 3.1 – Tabela de pagamento do jogo aposta com dois dedos.....	13
Tabela 3.2 – Tabela de pagamento com ponto de sela.....	14
Tabela 3.3 – Tabela de pagamento sem ponto de sela.....	15
Tabela 3.4 – Payoffs do Jogo Hawk-Dove.....	17
Tabela 5.1 – Probabilidades de significância da variável Geração no método HDR.....	41
Tabela 5.2 – Probabilidades de significância da variável Distância no método HDR ...	41
Tabela 5.3 – Probabilidades de significância da variável Geração no método RHDSA.....	42
Tabela 5.4 – Probabilidades de significância da variável Distância no método RHDSA.....	43
Tabela 5.5 – Probabilidades de significância da variável Geração no método RHDCa.....	43
Tabela 5.6 – Probabilidades de significância da variável Distância no método RHDCa.....	44
Tabela 5.7 – Análise descritiva da variável Geração no método HDR.....	45
Tabela 5.8 – Análise descritiva da variável Distância.....	46
Tabela 5.9 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDSA.....	46
Tabela 5.10 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDSA.....	47
Tabela 5.11 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDCa.....	47
Tabela 5.12 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDCa.....	47
Tabela 5.13 – Análise de variância para a variável Geração.....	49
Tabela 5.14 – Análise de variância para a variável Distância.....	50
Tabela 5.15 – Análise descritiva da variável Geração utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida fixa.....	59
Tabela 5.16 – Análise descritiva da variável Distância utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida fixa.....	59
Tabela 5.17 – Análise descritiva da variável Geração utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida aleatória.....	59

Tabela 5.18 – Análise descritiva da variável Distância utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida aleatória	59
Tabela A.1 – Distâncias entre as capitais dos estados brasileiros	66
Tabela B.1 – Legenda das cidades	69
Tabela B.2 – População inicial dos AG	69
Tabela C.1 – Tratamentos utilizados para a criação da base de dados	73
Tabela D.1 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Aleatório	74
Tabela D.2 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Aleatório	74
Tabela D.3 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Hawk	74
Tabela D.4 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Hawk	75
Tabela D.5 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Dove ..	75
Tabela D.6 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Dove ..	75
Tabela D.7 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT25	76
Tabela D.8 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT25	76
Tabela D.9 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT50	76
Tabela D.10 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT50	77
Tabela D.11 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT75	77
Tabela D.12 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT75	77
Tabela D.13 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Misto	78
Tabela D.14 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Misto	78

Tabela H.1 – Análise descritiva da variável Geração no método HDR.....	113
Tabela H.2 – Análise descritiva da variável Distância no método HDR.....	113
Tabela H.3 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDSA.....	113
Tabela H.4 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDSA.....	113
Tabela H.5 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDCA	113
Tabela H.6 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDCA.....	114

LISTA DE ABREVIATURAS

AG	Algoritmos Genéticos
ESS	Evolutionarily Stable Strategy
HDR	Método <i>Hawk-Dove</i> Roleta
PCV	Problema do Caixeiro Viajante
GA	Genetic Algorithm
RHDSA	Método Roleta <i>Hawk-Dove</i> sem alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta
RHDCA	Método Roleta <i>Hawk-Dove</i> com alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta
TFT	TIT FOR TAT
TSP	Traveling Salesman Problem

RESUMO

Alguns conceitos pertencentes a Teoria dos Jogos Evolucionários são empregados para testar como eles podem aprimorar a atuação dos operadores utilizados em Algoritmos Genéticos (AG). O emprego de estratégias racionais pode fornecer uma eficiência adicional aos AG na busca de soluções satisfatórias para problemas difíceis. Neste caso, os operadores tradicionais dos AG, especialmente seleção, recombinação e mutação, não contariam somente com critérios aleatórios para realizar a exploração da superfície adaptativa. Esta idéia é implementada através da promoção de uma competição entre os cromossomos pela melhor adaptabilidade, que é considerada como um recurso escasso e limitado. Para completar o método, o paradigma selecionado é o jogo *Hawk-Dove*, conhecido como um importante modelo de comportamento estratégico em estudos ecológicos. Os participantes do jogo são os cromossomos, os quais exercem suas respectivas estratégias e se esforçam para melhorar sua adaptabilidade individual. Para testar o método, o problema do caixeiro viajante é utilizado. Uma série de simulações são realizadas e os resultados alcançados apresentados, especialmente uma comparação com os métodos usuais de operadores dos AG. Algumas evidências encontradas indicam vantagens no uso da metodologia pesquisada.

ABSTRACT

Some important concepts belonging to evolutionary game theory are employed to test how they can improve the performance of the operators used in genetic algorithms(GA). The use of rational strategies can provide additional efficiency to the GA regarding the search of satisfactory solutions to difficult problems. In this case, the traditional GA operators, namely, selection, crossover and mutation will no more rely solely on random criteria to carry out the exploration of the fitness landscape. This idea is implemented by promoting a competition between the chromosomes for better fitness, herein considered as a limited and scarce resource. To accomplish this method, the selected paradigm has been the *Hawk-Dove* game, well known as an important model of strategic behavior in ecological studies. The participants of the game are the chromosomes, which exert their respective strategies and strive for improving their individual fitness. To test the method, the traveling salesman problem has been used. A series of simulations has been run and the achieved results are presented, especially some comparisons between the usual methods regarding the GA operators. Some evidence has been found that indicates the advantage of the investigated methodology.

1 INTRODUÇÃO

Muitos métodos computacionais buscam inspiração na Natureza, tentando imitá-la ou apenas utilizando a idéia básica por trás do processo, de modo a compreender e a controlar os fenômenos do mundo, como catástrofes naturais, epidemias, grandes oscilações na economia e uma vasta gama de outros fenômenos naturais, sociais e culturais.

Nesse contexto se enquadram a computação conexionista e a computação evolucionária. A computação conexionista inspira-se no sistema nervoso animal, buscando simular seu funcionamento diretamente em um computador (Rich e Knight, 1993).

A computação evolucionária inspira-se na teoria da evolução natural, com os Algoritmos Genéticos (AG) sendo o exemplo mais proeminente (Mitchell, 1996). Os AG fazem uma analogia direta à seleção natural, no qual os indivíduos mais aptos ao seu ambiente, conseguem produzir um número maior de descendentes do que os indivíduos menos aptos, que tendem à extinção (Beasley, Bull e Martin, 1993).

A aptidão do indivíduo está diretamente relacionada ao seu material genético, não sendo possível ao indivíduo melhorá-la, por exemplo, através do aprendizado, sem a alteração do código genético.

Sobre o código genético dos indivíduos é que os AG empregam seus operadores, como a seleção, a recombinação e a mutação. Os indivíduos mais aptos possuem uma probabilidade maior de serem selecionados como reprodutores, através da operação de seleção, para gerarem descendentes, através das operações de recombinação e mutação (Mitchell, 1996).

Será que os indivíduos menos aptos devem ser extintos, não permitindo a eles deixar sua contribuição para as futuras gerações? Por que não dar uma chance aos mais fracos para que melhorem sua aptidão, aumentando suas probabilidades de serem selecionados como pais?

1.1 Objetivos do trabalho

A inserção de uma competição entre os indivíduos nos AG guiada não somente por fatores aleatórios pode tornar a busca dos indivíduos pelo aumento de suas aptidões mais eficiente e provida de uma certa “racionalidade”. Esta aptidão tem características dinâmicas, variando conforme o resultado das disputas no qual o indivíduo se engaje.

O desempenho dos indivíduos nas disputas está diretamente relacionado com a estratégia adotada pelos mesmos na escolha dos movimentos. O emprego de estratégias racionais pode fornecer uma eficiência adicional aos AG na busca de soluções satisfatórias para problemas difíceis.

O objetivo principal do trabalho é propor novos métodos para a operação de seleção dos AG, utilizando conceitos da Teoria dos Jogos, permitindo aos indivíduos batalharem pela melhora de sua adaptabilidade, sendo uma forma dos AG trabalharem também no nível fenotípico, em lugar de trabalharem apenas no nível genotípico.

O objetivo secundário da pesquisa é avaliar o efeito que as estratégias, utilizadas pelos cromossomos durante as disputas, possuem sobre o desempenho dos AG.

O paradigma selecionado para a competição é o Jogo *Hawk-Dove*, conhecido como um importante modelo de comportamento estratégico em estudos ecológicos (Smith, 1993).

Os cromossomos participam do jogo, e utilizam diversas estratégias para a escolha do comportamento a ser adotado frente ao seu oponente, buscando melhorar suas aptidões individuais. Dentre as estratégias utilizadas, encontra-se a clássica estratégia TIT FOR TAT de Anatol Rapoport (Axelrod, 1990).

A Teoria dos Jogos procura modelar, de maneira matematicamente formal, aspectos gerais de situações competitivas essencialmente estratégicas, como batalhas militares ou jogos de tabuleiro, dando ênfase especial ao processo de tomada de decisão dos adversários. O resultado final dessas situações está diretamente relacionado a combinação de estratégias adotadas pelos competidores (Hiellier, 1988).

Para avaliar o método, várias simulações são realizadas, empregando o problema do caixeiro viajante como plataforma de teste, utilizando uma instância com as distâncias entre as capitais dos estados brasileiros. O método proposto também é comparado com outros métodos tradicionais, já citados na literatura.

1.2 Estrutura da dissertação

O segundo capítulo apresenta a fundamentação teórica sobre Algoritmos Genéticos, exemplificando o funcionamento dos principais operadores genéticos, e apresentando algumas áreas na qual os AG podem ser aplicados.

O terceiro capítulo apresenta a fundamentação teórica sobre Teoria dos Jogos, com ênfase especial ao Jogo *Hawk-Dove* e a estratégia TIT FOR TAT, empregados nos métodos propostos.

O quarto capítulo apresenta a proposta de três novos métodos para a operação de seleção dos Algoritmos Genéticos, utilizando o Jogo *Hawk-Dove*, com exemplos de seu funcionamento.

O quinto capítulo descreve como os métodos propostos são avaliados, e apresenta os resultados alcançados, exibindo uma comparação entre os métodos propostos e o método clássico da Roleta.

O sexto e último capítulo apresenta as conclusões e as perspectivas de continuidade do presente trabalho.

2 ALGORITMOS GENÉTICOS

O enunciado “a evolução biológica é um processo de otimização” é a filosofia de suporte dos métodos da Computação Evolucionária, sendo seus principais paradigmas as Estratégias Evolucionárias e os Algoritmos Genéticos (Coello et. al., 1998).

Os Algoritmos Genéticos são os algoritmos evolucionários mais utilizados da Computação Evolucionária. Esses algoritmos inspiram-se na teoria da evolução biológica dos seres vivos, e são utilizados na resolução de problemas computacionais, que frequentemente requerem uma busca através de um amplo espaço de soluções candidatas, como o conjunto de equações que prevêem o sobe e desce dos mercados financeiros (Mitchell e Taylor, 1999).

A Biologia Evolucionária é uma forte fonte de inspiração para a resolução desses tipos de problemas, pois a própria natureza teve que realizar uma busca num enorme conjunto de possíveis soluções, que são as seqüências genéticas, para desenvolver organismos aptos a viverem e a se reproduzirem em seus ambientes (Mitchell, 1996).

Inspirados na teoria de Charles Darwin exposta no livro *The Origin of Species*, no qual uma população natural, durante muitas gerações, desenvolve-se segundo os princípios da seleção natural e da sobrevivência do mais apto, os AG são capazes de desenvolver soluções para problemas do mundo real, tais como problemas de busca e otimização (Beasley, Bull e Martin, 1993).

É conveniente mencionar que existem outras teorias para a origem da vida e para os mecanismos da evolução biológica. Apesar dos conceitos de Darwin serem os mais conhecidos pelas pessoas, tal hipótese não deve ser considerada como a única válida (Barreto, 1999).

Segundo Whitley (1994) e Mitchell (1996), o termo AG possui dois significados. Numa interpretação mais restrita, os AG se referem ao modelo proposto por John Holland e seus estudantes na Universidade de Michigan entre os anos de 1960 e 1970, bem como suas variações, conhecidos como algoritmos genéticos canônicos.

Numa interpretação mais ampla, o termo AG é qualquer modelo baseado numa população que usa operadores de seleção e recombinação para gerar novos pontos de amostra no espaço de busca.

Conforme a definição de Koza (1990), um AG é um algoritmo matemático altamente paralelo que transforma populações de objetos matemáticos individuais em novas populações utilizando operações genéticas, como a reprodução sexual (recombinação), e a reprodução proporcional a adaptabilidade, que é o princípio Darwiniano da sobrevivência do mais apto.

As principais diferenças entre os AG e os algoritmos tradicionais de busca, segundo Goldberg (1989), são:

- AG trabalham com uma codificação de parâmetros em vez de trabalhar com os parâmetros em si;
- AG trabalham com uma população de pontos, em vez de um único ponto;
- AG utilizam a informação de uma função objetivo, e não utilizam conhecimentos auxiliares ou derivados;
- AG utilizam regras de transição probabilísticas em vez de regras determinísticas.

2.1 Histórico

Por volta de 1700, Georges Buffon já acreditava que certas espécies compartilhavam um antecessor comum. Nos fins de 1700 e início de 1800, Erasmus Darwin, avô de Charles, sugeriu a teoria da evolução no livro *Zoonomia*, mas não mencionava a seleção natural (Mangano, 1996).

Em 1 de julho de 1858, o naturalista inglês Charles Darwin apresentou sua Teoria da Evolução Natural, revolucionando as ciências biológicas e mudando a filosofia do pensamento dos seres humanos (Coello et. al., 1998).

Charles não compreendia os mecanismos materialistas envolvidos no processo da seleção natural, os quais foram compreendidos com a descoberta de Gregor Mendel da teoria dos traços dominantes e recessivos. O Neo-Darwinismo é a síntese das teorias de Darwin com os conceitos modernos da genética, os quais se originam da descoberta do DNA por Friedrich Miescher em 1869, e de sua estrutura por James Watson e Francis Crick em 1953 (Mangano, 1996).

O paradigma Neo-Darwiniano está sustentado em quatro processos principais: reprodução, mutação, aptidão e seleção, e são freqüentemente resumidos na frase “sobrevivência do mais apto e forte” (Coello et. al., 1998).

Entre os anos de 1950 e 1960, vários pesquisadores independentemente estudavam sistemas evolucionários, com a idéia de utilizar a evolução como uma ferramenta de otimização para problemas de engenharia (Mitchell, 1996).

Em 1960, Rechenberg introduziu as estratégias evolucionárias, um método utilizado para otimizar parâmetros de valores reais para dispositivos como um tubo curvo (Mitchell, 1996).

Em 1966, Fogel, Owens e Walsh desenvolvem a programação evolucionária, uma técnica na qual as soluções candidatas dos problemas são representadas como máquinas de estados finitos (Mitchell, 1996).

Em 1975, John Holland publica seu livro apresentando os conceitos dos AG, os quais foram desenvolvidos por ele e seus alunos da Universidade de Michigan, desde 1960. Apesar de ter desenvolvido o método, foi Bagley, em 1967, que deu o nome de Algoritmos Genéticos ao método (Coello et. al., 1998).

2.2 Implementação

O objetivo básico de um AG é evoluir uma população de soluções candidatas (cromossomo) para um determinado problema, até encontrar uma solução satisfatória (Mitchell, 1996).

Os termos cromossomo e indivíduo são freqüentemente utilizados como sinônimos, já que é comum um indivíduo ser formado por um único cromossomo em AG, mas no nível biológico, um indivíduo é formado por um conjunto de cromossomos (Barreto, 1999).

A terminologia biológica utilizada pelos AG reforça a analogia existente entre o método e a realidade biológica, de onde vem a inspiração (Mitchell, 1996).

Cada cromossomo é formado por um conjunto de genes, que instanciam um particular alelo. Cada gene possui uma posição (locus) dentro do cromossomo. No nível computacional, por exemplo, um cromossomo pode ser uma cadeia de bits, no qual cada bit corresponde a um gene, possuindo os valores 0 ou 1 (alelos), em uma determinada posição dentro da cadeia (locus) (Mitchell e Forrest, 1994).

O conjunto de parâmetros representado por um particular cromossomo é definido como genótipo, e contem as informações necessárias para a construção de um organismo, definido como fenótipo. Por exemplo, o conjunto de parâmetros especificando um particular projeto de construção de uma ponte é um genótipo, enquanto que a ponte construída é o fenótipo daquele indivíduo (Beasley, Bull e Martin, 1993).

Normalmente dois componentes dos AG são dependentes do problema que está sendo resolvido: a codificação das soluções candidatas e a função de avaliação (Whitley, 1994).

A forma mais usual de codificação em AG é a codificação binária, na qual é utilizada uma cadeia de '0' e '1'. Mas as soluções candidatas também podem ser codificadas utilizando outros conjuntos de caracteres, como números reais ou caracteres alfanuméricos (Mitchell, 1996).

Outra forma de codificação pouco utilizada é o esquema de codificação em árvore, que é um grafo unidirecional sem ciclos fechados, utilizados especialmente para codificar programas de computadores, (Palmer e Kershenbaum, 1994).

Cada cromossomo possui uma adaptabilidade, também conhecida como *fitness*, que em termos biológicos pode ser a probabilidade do indivíduo se reproduzir (viabilidade) ou o número de descendentes que o indivíduo produzirá (fertilidade) (Mitchell, 1996).

A função de adaptabilidade transforma a medida do desempenho de um particular cromossomo, numa distribuição de oportunidades reprodutivas para o mesmo, sempre levando em consideração o desempenho dos outros membros da população. A medida do desempenho do cromossomo é inferida através da função de avaliação, que considera o seu conjunto particular de parâmetros, independentemente dos outros indivíduos da população (Whitley, 1994).

Conforme Mitchell (1996) um AG simples é composto pelos seguintes passos:

- 1) Iniciar uma população de cromossomos, normalmente gerada aleatoriamente;
- 2) Calcular a adaptabilidade de cada cromossomo;
- 3) Repetir os seguintes passos até o *n-ésimo* descendente ser criado;
 - a) Selecionar dois cromossomos como pais, através da operação de seleção;
 - b) Aplicar a operação de recombinação sobre os dois cromossomos selecionados no passo anterior, gerando os descendentes;
 - c) Aplicar a operação de mutação sobre os dois descendentes gerados no passo anterior;
- 4) Trocar a população antiga pela nova;
- 5) Voltar para o passo 2.

2.2.1 Operação de Seleção

A operação de seleção escolhe cromossomos da população para a reprodução, utilizando na maioria das vezes a adaptabilidade do cromossomo, de modo que os indivíduos mais aptos sejam selecionados mais vezes, fazendo o paralelo com os mecanismos da seleção natural (Whitley, 1994).

Um método muito popular é a seleção da roleta proposta por Goldberg (1989). É um método muito simples, que consiste na criação de uma roleta em que cada cromossomo possui um setor proporcional à sua adaptabilidade. Para selecionar o cromossomo, um número aleatório é escolhido, normalmente entre 0 e 1 ou entre 0 e 100, e o cromossomo cujo o número sorteado esteja entre os limites de seu setor é escolhido para a reprodução.

Exemplificando, considere os valores da Tabela 2.1, que especificam a roleta exibida na Figura 2.1, para um determinado grupo de cromossomos. Depois da roleta estar criada, “gira-se” a mesma e o cromossomo que parar debaixo da seta é o cromossomo selecionado (Coello, 1995).

Mitchell (1996) ainda cita uma porção de outros métodos para a operação de seleção, dentre os quais o Elitismo, o Rank, o Torneio e a seleção de Boltzmann.

Tabela 2.1 – Valores do exemplo do método da roleta

Cromossomo	Genótipo	Adaptabilidade	% do Total
1	11010110	254	24.5
2	10100111	47	4.5
3	00110110	457	44.1
4	01110010	194	18.7
5	11110010	85	8.2
Total		1037	100.0

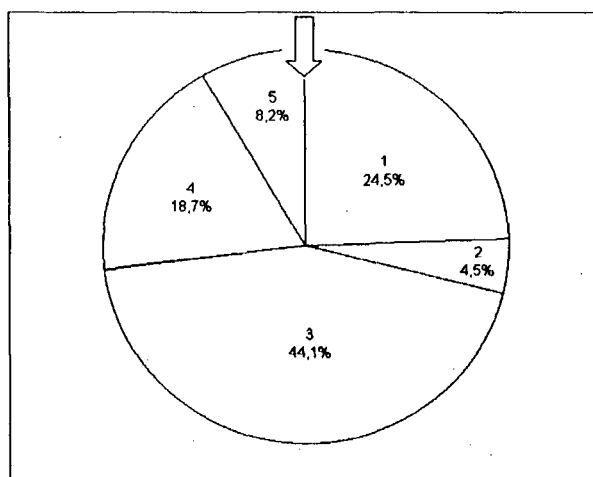


Figura 2.1 – Exemplo do método da Roleta

2.2.2 Operação de Recombinação

Também conhecida como *crossover*, a operação de recombinação consiste na escolha aleatória de um locus, e na troca das partes anteriores e posteriores ao locus entre dois cromossomos pais, para gerarem dois descendentes (Mitchell, 1996).

A operação de recombinação mais usual utiliza apenas um ponto de corte, ou seja, os cromossomos pais são divididos em duas partes, e estas partes são trocadas entre eles (Coello, 1995). A Figura 2.2 demonstra a operação de recombinação com um ponto de corte.

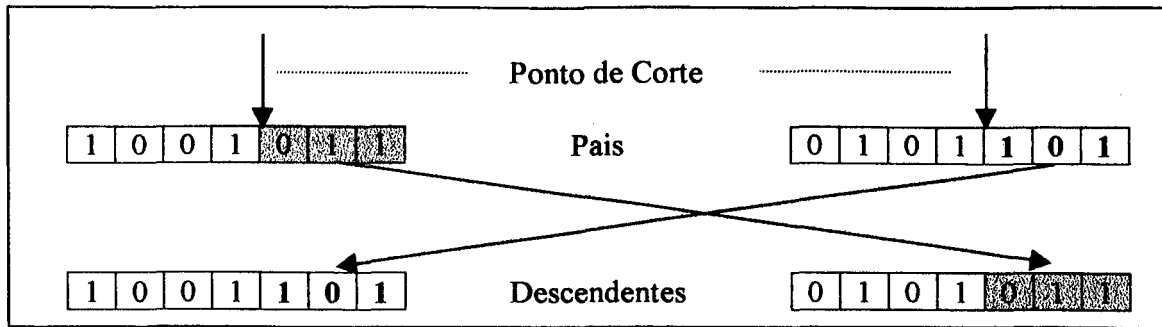


Figura 2.2 – Operação de recombinação com um ponto de corte

Quando dois pontos de cortes são utilizados, normalmente é trocada as partes internas dos cromossomos, mantendo fixo os extremos (Coello, 1995). A Figura 2.3 demonstra a operação de recombinação utilizando dois pontos de corte.

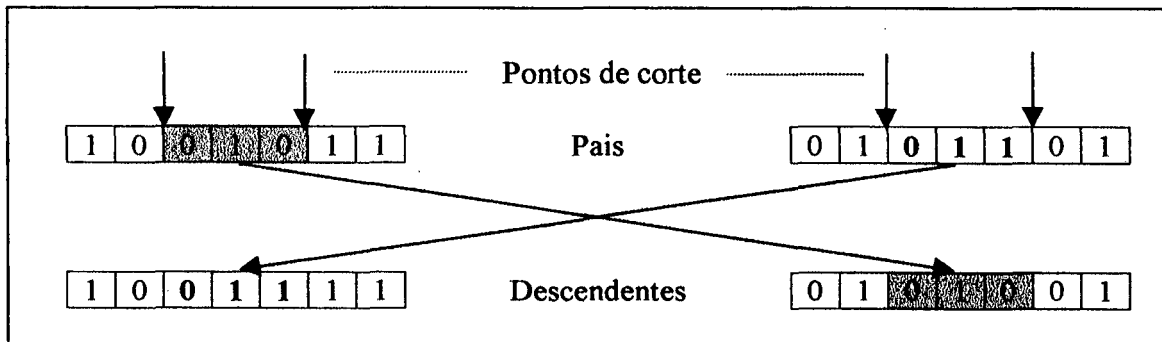


Figura 2.3 – Operação de recombinação com dois pontos de corte

Outra técnica de recombinação radicalmente diferente é a recombinação uniforme. Nesse método, uma máscara de recombinação é gerada para cada par de pais. A máscara serve como um guia para indicar de qual pai virá o gene que será colocado no filho (Beasley, Bull e Martin, 1993b). A Figura 2.4 exemplifica tal método.

Existem outros métodos de recombinação, sendo a maioria específico para determinados problemas, como por exemplo, o operador de recombinação de comparação parcial, utilizado na resolução de problemas como o do caixeiro viajante, no qual os valores dos genes são fixos e a adaptabilidade do cromossomo depende da ordem como estes genes aparecem, devendo respeitar as restrições do problema (Beasley, Bull e Martin, 1993b).

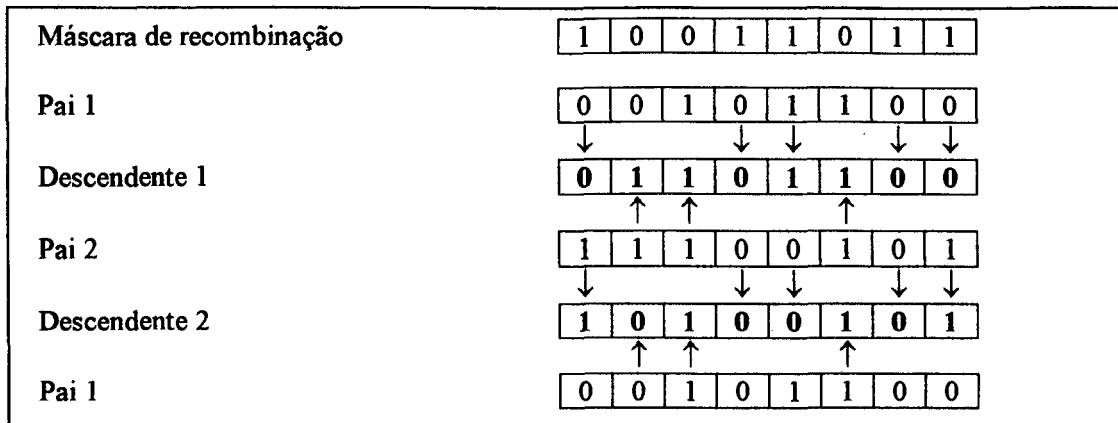


Figura 2.4 – Recombinação uniforme

2.2.3 Operação de Mutação

A operação de mutação é um operador base, consistindo na realização de pequenas mudanças aleatórias no cromossomo. Isso assegura que todas as partes do espaço de busca sejam teoricamente pesquisadas. Ao contrário da crença popular, a operação de mutação não é o principal meio de geração de novas estruturas, pois em termos simples, a reprodução sexual (operação de recombinação) é muito mais eficiente que a reprodução asexual (operação de mutação) (Yazdani, 1986).

A operação de mutação altera aleatoriamente os valores de alguns genes do cromossomo, podendo ocorrer em cada gene com uma probabilidade muito pequena, usualmente 0,001 (Mitchell, 1996). A Figura 2.5 exemplifica o funcionamento da operação de mutação.

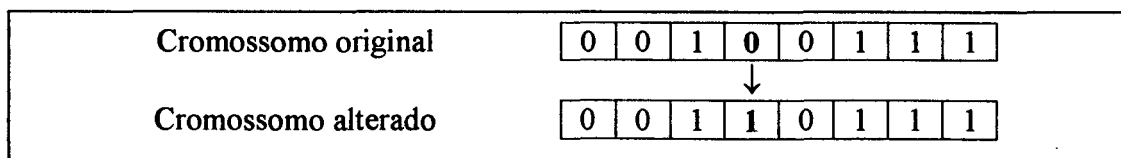


Figura 2.5 – Operação de mutação

2.3 Aplicações

A atração para a utilização dos AG vem de sua simplicidade e elegância como algoritmo, além de sua superioridade em descobrir rapidamente boas soluções para problemas difíceis de alta dimensionalidade (Mitchell e Forrest, 1993).

Devido a seu esquema de representar o espaço de pontos, os AG são facilmente aplicáveis e robustos para trabalharem com problemas de otimização combinatorial NP-Completo, necessitando na maioria das vezes apenas a troca da função de adaptabilidade, que está diretamente relacionada com o problema a ser resolvido (Bäck, Khuri e Heikötter, 1994).

Khuri, Schütz e Heikötter (1995) utilizaram AG para resolver o problema de empacotamento de caixas (bin packing problem), que consiste em colocar n objetos de tamanhos diferentes num número mínimo de caixas, com a restrição de que cada caixa não pode ter sua capacidade excedida.

Mitchell (1996b) relata a utilização de AG no desenvolvimento de Autômatos Celulares, especialmente nas tarefas de classificação da densidade e na sincronização.

Em Redes Neurais, os AG são utilizados para melhorarem o desempenho das redes. Eles são aplicados no desenvolvimento da topologia utilizada pela rede e na descoberta dos melhores pesos para as conexões entre os neurônios (Barreto, 1999; Mandischer, 1993).

A gama de aplicações no qual os AG são empregados cresce a cada dia, sendo utilizados no desenvolvimento de programas de computadores para tarefas específicas, para modelar fenômenos ecológicos como a simbiose, para estudar aspectos evolucionários dos sistemas sociais entre muitas outras aplicações (Mitchell, 1996).

3 TEORIA DOS JOGOS

A primeira formalização da Teoria dos Jogos é feita por Von Neumann e Morgenstern, em seu livro *Game Theory and Economic Behavior*, em 1944, em referência ao comportamento econômico humano (Smith, 1993).

A maioria das pesquisas realizadas pela Teoria dos Jogos é sobre jogos de duas pessoas soma-zero. Estes jogos envolvem apenas dois participantes ou jogadores que podem ser exércitos, empresas e assim por diante, e são chamados de soma-zero porque o que um jogador ganha o outro perde, de modo que a soma dos seus ganhos líquidos seja zero (Hiellier, 1988).

Um exemplo simples desse tipo de jogo, citado por Hiellier (1988), é o jogo de aposta com dois dedos. Nesse jogo os jogadores mostram simultaneamente um ou dois dedos. Caso o número de dedos seja o mesmo, o jogador I ganha, senão o jogador II ganha.

Nesse caso, cada jogador possui duas ações: mostrar um dedo ou mostrar dois dedos. A regra pelo qual o jogador selecionará uma das possíveis ações para cada partida do jogo se chama estratégia (Casti, 1995).

Um jogo é caracterizado normalmente pelas (Hiellier, 1988):

- Estratégias do jogador I;
- Estratégias do jogador II;
- Tabela de pagamento (payoffs).

No início do jogo, os jogadores conhecem as estratégias disponíveis para si, as estratégias disponíveis para o seu adversário e a tabela de pagamento, exibida na Tabela 3.1 (Hiellier, 1988).

Tabela 3.1 – Tabela de pagamento do jogo aposta com dois dedos

		II	
		1	2
I	1	1	-1
	2	-1	1

A tabela de pagamento para este tipo de jogo normalmente é dado somente para o jogador I, já que a tabela para o jogador II é a negativa da tabela do jogador I. As entradas na tabela podem ser de qualquer unidade, devendo apenas representar a utilidade para o jogador I de ganhar o prêmio (Hiellier, 1988).

É importante observar que o valor da utilidade associada ao resultado é muito subjetiva, não sendo necessariamente proporcional à quantidade de dinheiro envolvido (ou qualquer outra unidade). O trabalho de Kahneman e Tversky (1979) faz uma crítica a teoria da utilidade esperada como um modelo descritivo de tomada de decisão debaixo do risco. Eles apresentam um modelo alternativo, chamado de *Prospect Theory*, no qual cita que as pessoas são avessas ao risco em escolhas envolvendo ganhos certos e buscam o risco em escolhas com perdas certas.

O objetivo da Teoria dos jogos é desenvolver critérios racionais para a escolha de uma estratégia, com o pressuposto que ambos os jogadores são racionais, e tentarão fazer o melhor que puderem em relação ao seu oponente (Hiellier, 1988).

A solução proposta pela Teoria dos Jogos para jogos simples é encontrar na tabela de pagamentos o ponto de sela, que é o ponto no qual nenhum dos jogadores consegue melhorar seu desempenho individualmente. A Tabela 3.2 exhibe uma tabela de pagamentos com ponto de sela. Nesse caso, o ponto de sela é o valor "0", pois nem o jogador da coluna, nem o jogador da linha podem melhorar seus ganhos individualmente. O ponto de sela pode ser encontrado utilizando o critério minimax, que consiste em o jogador I selecionar a estratégia cujo pagamento mínimo seja o maior, enquanto o jogador II seleciona a estratégia cujo pagamento máximo para o jogador I seja o menor (Hiellier, 1988).

Tabela 3.2 – Tabela de pagamento com ponto de sela

		II		
		1	2	3
I	1	-3	-2	6
	2	2	0	2
	3	5	-2	-4

Mas muitos jogos não possuem um ponto de sela, necessitando neste caso uma análise mais sofisticada. A Teoria dos Jogos recomenda que cada jogador atribua uma distribuição probabilística a seu conjunto de estratégias, sendo chamados de jogos com estratégias mistas. A tabela 3.3 exibe uma tabela de pagamentos sem ponto de sela (Hiellier, 1988).

Tabela 3.3 – Tabela de pagamento sem ponto de sela

		II		
		1	2	3
I	1	0	-2	2
	2	5	4	-3
	3	2	3	-4

Conforme Hiellier (1988), este jogo pode ser resolvido com cada jogador fazendo um plano de disputa, com probabilidades para cada estratégia original. Assim, a estratégia original é escolhida utilizando algum dispositivo aleatório para obter uma observação aleatória da distribuição probabilística especificada pela estratégia mista.

Considerando os dados da Tabela 3.3, o jogador I poderia utilizar a estratégia mista $(1/2, 1/2, 0)$ e o jogador II a estratégia mista $(0, 1/2, 1/2)$. Sempre que eles fossem disputar uma partida, o jogador I poderia lançar uma moeda para escolher entre as ações 1 e 2, e o jogador II lançaria também uma moeda para escolher entre as ações 2 e 3. O método mais comum para selecionar as estratégias mistas a serem utilizadas, é transformar o problema num problema de programação linear, e resolvê-lo pelo método simplex utilizando um computador.

Há vários tipos de jogos tratados pela Teoria dos Jogos, entre os quais os Jogos com n pessoas, no qual mais de dois jogadores participam do jogo; Jogos com soma diferente de zero, no qual a soma dos pagamentos aos jogadores não precisa ser zero ou qualquer outra constante; Jogos Não-Cooperativos, no qual não existe qualquer comunicação entre os jogadores antes do jogo; Jogos Cooperativos, no qual os jogadores podem fazer acordos antes do jogo; Jogos Infinitos, no qual o número de estratégias puras disponíveis para cada jogador é infinito; além de outras classes de jogos (Hiellier, 1988).

Uma classe especial de jogos são os Jogos Evolucionários, tratados pela Teoria dos Jogos Evolucionários, que surgiram com o trabalho de Maynard Smith e Price em 1973, quando introduziram o conceito de Estratégia Evolucionária Estável (Evolutionarily Stable Strategy – ESS) (Smith, 1993).

Conforme Weibull (1996), a interpretação padrão dada à Teoria dos Jogos Não-Cooperativos é a de que o jogo é analisado como se todos os jogadores fossem totalmente racionais, conhecendo todos os detalhes do jogo e todas as preferências dos seus adversários.

Já a Teoria dos Jogos Evolucionários imagina que os jogadores são condicionados biologicamente ou socialmente, sendo escolhidos aleatoriamente dentro de uma grande população. Assim, cada indivíduo está de certa forma pré-programado com algum comportamento, ou, formalmente, com uma estratégia para um jogo, e assume que algum processo de seleção evolucionário operará na população distribuindo os comportamentos.

A chave da diferenciação entre a Teoria dos Jogos Não-Cooperativos e a Teoria dos Jogos Evolucionários está na definição de uma *estratégia mista*. No último caso, em vez de ser considerada como uma distribuição de probabilidades, esta é interpretada como sendo uma frequência com que os agentes de uma população homogênea utilizam diferentes estratégias puras.

3.1 O Jogo *Hawk-Dove*

Proposto originalmente por Maynard Smith e Price, o jogo *Hawk-Dove* modela disputas entre pares de animais, que estão lutando por um recurso de valor V . A interpretação dada ao valor é que o indivíduo que ganhar o recurso terá sua adaptabilidade Darwiniana aumentada em V , e o perdedor não sofrerá qualquer alteração em sua adaptabilidade (Smith, 1993).

A adaptabilidade Darwiniana pode ser interpretada como o número de descendentes esperados. Por exemplo, caso o número de descendentes esperado seja três, e o recurso possibilita a criação de mais dois descendentes, então o indivíduo que ganhar o recurso produzirá cinco descendentes, enquanto que o perdedor produzirá apenas os três descendentes esperados.

O jogo considera que cada competidor pode assumir duas estratégias, sendo elas:

- *Hawk*: caracterizado pelo comportamento agressivo, luta pelo recurso até se ferir ou até que seu oponente fuja, sendo o agente não cooperativo;
- *Dove*: caracterizado pela docilidade, não entra em contato físico com outros competidores, preferindo medir forças através da exibição. Quando encontra um *Hawk* numa disputa, foge imediatamente sem se ferir. É o agente cooperativo.

Tabela 3.4 – Payoffs do Jogo Hawk-Dove

	<i>Hawk</i>	<i>Dove</i>
<i>Hawk</i>	$\frac{1}{2}(V - C)$	V
<i>Dove</i>	0	$V/2$

A Tabela 3.4 mostra os pagamentos para o jogador adotando as estratégias das linhas, se o seu oponente adotar as estratégias das colunas. Os seguintes resultados podem ocorrer com base nesta tabela:

- *Hawk* vs. *Hawk*: cada competidor possui uma probabilidade de 50% de obter o recurso e uma probabilidade de 50% de sair ferido da disputa. O parâmetro C é o valor reduzido da adaptabilidade devido ao ferimento;
- *Hawk* vs. *Dove*: o competidor adotando a estratégia *Hawk* ganha o recurso e o competidor adotando a estratégia *Dove* foge sem se ferir, de modo que a sua adaptabilidade não sofra alteração em razão da disputa;
- *Dove* vs. *Dove*: o recurso é compartilhado igualmente pelos dois participantes.

Segundo Smith (1993), uma ESS é uma estratégia tal que, se todos os membros de uma população a adotassem, nenhuma outra estratégia mutante poderia invadir essa população, devido à influência da seleção natural.

Para uma estratégia ser uma ESS, ela deve respeitar uma das seguintes condições:

- $E(I, I) > E(J, I)$
- $E(I, I) = E(J, I)$ e $E(I, J) > E(J, J)$

As letras I e J representam a estratégia adotada pelos competidores, e $E(X, Y)$ é a função de pagamento para o indivíduo adotando a estratégia X contra um oponente adotando a estratégia Y.

A importância de se particularizar as ESSs está no fato de que estas correspondem a situações de equilíbrio comportamentais dos membros de uma população. Isto quer dizer que, mesmo no caso de alguns indivíduos alterarem suas jogadas, modificando assim os valores individuais de ganhos, essa ocorrência será momentânea, sem chances de prosperar e de se instalar na população definitivamente.

A tendência será o retorno ao *status quo* inicial, caracterizado pela ESS originalmente presente na população, pois os mutantes acabarão sucumbindo por falta de aquisição de recursos e sem deixar descendentes que dêem continuidade ao procedimento adotado pelos pais. Em outras palavras, uma ESS opera como se fosse um atrator de comportamentos para um conjunto de indivíduos componentes de uma população.

Será analisado, conforme Smith (1993), a existência de uma ESS no jogo *Hawk-Dove*. Primeiramente, descobre-se que a estratégia *Dove* não é uma ESS porque $E(D, D) < E(H, D)$, ou seja, $V/2 < V$. Dessa forma, uma população de *Doves* pode ser invadida por um *Hawk* mutante.

Uma população de *Hawks* é uma ESS somente se $\frac{1}{2}(V - C) > 0$ ou $V > C$. Isso significa que uma população de *Hawks* é uma ESS quando o custo por se ferir for menor que o valor do recurso.

No caso de $V < C$, não existe uma ESS para uma estratégia pura, mas pode existir uma ESS misto, ou seja, o indivíduo possui uma probabilidade p para escolher a estratégia *Hawk*, e uma probabilidade $(1 - p)$ para escolher a estratégia *Dove*.

Nesse ambiente, quando os pais se reproduzem eles não passam para seus descendentes o comportamento *Hawk* ou *Dove*, mas transmitem a probabilidade p de jogarem *Hawk*, existindo na população uma frequência p de *Hawks* e uma frequência $1 - p$ de *Doves*. De modo simplificado, o valor de p pode ser calculado como sendo V/C .

3.2 Estratégia TIT FOR TAT

Robert Axelrod estava interessado em responder uma questão simples: quando uma pessoa poderá colaborar, e quando ela poderá ser egoísta, numa interação progressiva com outra pessoa. Seu interesse era uma particular classe de jogos chamado de Dilema do prisioneiro iterado. Este tipo de jogo permite aos jogadores alcançarem ganhos mútuos com a colaboração, mas também permite a exploração de um jogador sobre o outro, ou a possibilidade de nunca colaborarem (Axelrod, 1990).

Para encontrar uma boa estratégia para usar nesta situação, ele promoveu um torneio para o Dilema do prisioneiro, e convidou especialistas em teoria dos jogos a submeterem suas estratégias para competirem no torneio (Axelrod, 1990).

A estratégia que ganhou o torneio foi a estratégia TIT FOR TAT, submetida pelo professor Anatol Rapoport, da Universidade de Toronto. Era a estratégia mais simples das 14 estratégias submetidas, e foi a melhor entre todas (Axelrod, 1990).

A estratégia TIT FOR TAT é composta por duas regras (Casti, 1995):

1. Coopere no primeiro encontro;
2. Desde então, faça o que o seu adversário fez na jogada anterior.

Conforme Axelrod (1990), o sucesso da estratégia TIT FOR TAT se deve a combinação de gentileza, retaliação, perdão e clareza. A gentileza a previne de problemas desnecessários. A retaliação desencoraja o outro lado a explorá-la. O perdão ajuda ao retorno da mútua colaboração e a clareza facilita que a mesma seja reconhecida pelo seu adversário.

4 PROPOSTA DO MÉTODO DE SELEÇÃO *HAWK-DOVE*

A maioria dos métodos de seleção utilizados em AG, consideram que a adaptabilidade do cromossomo está diretamente relacionada com o desempenho do genótipo do cromossomo frente aos outros cromossomos da população.

Para um cromossomo melhorar sua adaptabilidade, e consequentemente aumentar a sua probabilidade de passar seu material genético adiante, ele obrigatoriamente precisa alterar seu genótipo, o que é impossível, pois deixaria de existir para ser tornar um novo cromossomo. Desse modo, cada cromossomo já nasce com a sua adaptabilidade definida, e que fica imutável durante toda a geração.

Trabalhando apenas no nível genotípico, não é permitido aos cromossomos lutarem pela preservação de seu material genético, ou seja, eles não têm a chance de melhorar suas aptidões, para consequentemente aumentar suas probabilidades de serem selecionados como reprodutores.

O presente trabalho propõe novos métodos para a operação de seleção dos AG, atuando não apenas no nível genotípico, mas também no nível fenotípico. Este objetivo é alcançado através do emprego dos conceitos da Teoria dos Jogos, de modo que os cromossomos sejam selecionados como reprodutores não apenas pelo desempenho dos seus genótipos, mas também pelo desempenho de seus fenótipos em disputas com outros cromossomos.

O jogo *Hawk-Dove*, descrito no capítulo 3.1, é o paradigma escolhido para os cromossomos tentarem aumentar suas probabilidades de reprodução. Ele é um jogo de dois indivíduos, no qual cada participante deve assumir na disputa um dos seguintes comportamentos: *Dove* ou *Hawk*.

A escolha do comportamento a ser adotado frente a um oponente é definido por uma estratégia. Quanto melhor a estratégia utilizada pelo cromossomo, melhor será seu desempenho, e consequentemente maior será a sua probabilidade de ser escolhido como reprodutor.

As estratégias disponibilizadas para os cromossomos utilizarem nas disputas são:

- Aleatória: o cromossomo escolhe aleatoriamente, com iguais probabilidades, entre o comportamento *Hawk* ou *Dove*;
- *Dove*: o cromossomo sempre utiliza o comportamento *Dove*;
- *Hawk*: o cromossomo sempre utiliza o comportamento *Hawk*;
- TFT: o cromossomo utiliza a estratégia TIT FOR TAT, descrita no capítulo 3.2, adotando no primeiro encontro o comportamento *Dove*, e depois adotando o comportamento utilizado pelo seu adversário no encontro anterior.

A única informação disponibilizada para os competidores antes da disputa é a identidade do seu adversário. A estratégia utilizada pelo adversário pode ser percebida indiretamente, analisando os comportamentos adotados nas jogadas anteriores, caso seja necessário. A adaptabilidade real do adversário não é fornecida e nem pode ser deduzida.

4.1 Método *Hawk-Dove* Roleta

No método da Roleta tradicional, os setores da Roleta são distribuídas aos cromossomos proporcionalmente ao desempenho de seus genótipos. No método *Hawk-Dove* Roleta (HDR), os cromossomos possuem um período de tempo onde é permitido lutar pela melhora de suas aptidões, disputando o jogo *Hawk-Dove* contra outros cromossomos.

Terminado o período de disputas, os cromossomos são entregues à Roleta, para que ela faça a seleção dos futuros reprodutores. A adaptabilidade utilizada pela Roleta para distribuir os setores não representa mais exclusivamente o desempenho do genótipo, estando influenciada pelo desempenho do fenótipo de cada cromossomo.

A Figura 4.1 exibe o pseudocódigo de um AG utilizando o método HDR. O jogo *Hawk-Dove* se encontra na Etapa 3.1. O período de tempo destinado ao jogo é estipulado pelo número de disputas permitidas. Quando o número de disputas alcançar o limite máximo, o jogo termina e os cromossomos seguem para a Roleta com suas aptidões modificadas (Etapa 3.2 da Figura 4.1).

1. Carregar população inicial;
2. Avaliar população inicial;
3. Repetir até m gerações:
 - 3.1. Repetir até x disputas:
 - 3.1.1. Selecionar dois competidores;
 - 3.1.2. Obter o comportamento dos competidores;
 - 3.1.3. Alterar a adaptabilidade dos competidores conforme o comportamento adotado por cada um;
 - 3.2. Montar a Roleta;
 - 3.3. Repetir até número de descendentes = tamanho da população
 - 3.3.1. Selecionar dois pais utilizando a Roleta;
 - 3.3.2. Aplicar a operação de recombinação sobre os pais selecionados no passo anterior;
 - 3.3.3. Aplicar a operação de mutação sobre os descendentes gerados no passo anterior;
 - 3.4. Substituir a população antiga pela nova;
 - 3.5. Avaliar a nova população.

Figura 4.1 – Pseudocódigo do algoritmo com o método HDR

Cada disputa do jogo *Hawk-Dove* envolve dois cromossomos, que são escolhidos de forma aleatória entre os cromossomos da população, com iguais probabilidades para todos (Etapa 3.1.1 da Figura 4.1).

Uma vez que os competidores são selecionados para a disputa, eles devem escolher o comportamento (*Hawk* ou *Dove*) que será adotado frente ao seu adversário. O comportamento é escolhido de acordo com a estratégia utilizada por cada cromossomo (Etapa 3.1.2 da Figura 4.1).

Com o comportamento de cada participante escolhido, passa-se para a disputa do jogo (Etapa 3.1.3 da Figura 4.1). As seguintes situações podem ocorrer:

- *Hawk* vs. *Hawk*: ambos os participantes tem sua adaptabilidade aumentada em $\frac{1}{2}(V - C)$. Quando o parâmetro C for maior que o parâmetro V , a adaptabilidade dos participantes diminui;
- *Hawk* vs. *Dove*: o competidor adotando o comportamento *Hawk* tem sua adaptabilidade aumentada em V , e o competidor adotando o comportamento *Dove* não sofre alteração em sua adaptabilidade;
- *Dove* vs. *Dove*: os participantes compartilham o recurso, tendo sua adaptabilidade aumentada em $V/2$.

O exemplo abaixo demonstra o funcionamento do método HDR. Considere que os cromossomos da Figura 4.2 sejam a população na geração corrente antes de entrarem no jogo.

Cromossomo			Aptidão			Estratégia		
1	100	<i>Dove</i>				2	60	<i>Hawk</i>
3	130	TFT				4	110	Aleatório

Figura 4.2 – População antes do jogo

São implementadas quatro disputas na fase do jogo. O valor de recurso (V) vale dez unidades e o custo por se ferir (C) vale vinte unidades da adaptabilidade. A primeira etapa do jogo é selecionar os competidores, de forma aleatória com iguais probabilidades entre todos. Como a população é formada por quatro cromossomos, cada cromossomo possui uma probabilidade de 25% de ser selecionado.

Para a primeira partida do jogo são selecionados os cromossomos 2 e 3. Na segunda etapa do jogo os competidores escolhem o comportamento a ser adotado no jogo, segundo suas estratégias. O cromossomo 2 utilizando a estratégia *Hawk* adota o comportamento *Hawk*.

O cromossomo 3 utilizando a estratégia TIT FOR TAT, primeiro verifica se já encontrou o cromossomo 2 numa disputa anterior. Como esta é a primeira partida deles, o cromossomo 3 adota o comportamento *Dove*.

Com os comportamentos escolhidos se passa para a disputa da partida. Nesse caso tem-se a situação *Hawk* vs. *Dove*, onde o competidor adotando o comportamento *Hawk* leva o recurso. A Figura 4.3 exibe o estado da população depois da primeira disputa.

Cromossomo			Aptidão			Estratégia		
1	100	<i>Dove</i>				2	70	<i>Hawk</i>
3	130	TFT				4	110	Aleatório

Figura 4.3 – Estado da população após a primeira disputa

Na segunda disputa os cromossomos 2 e 4 são selecionados para disputar o jogo. Todos os cromossomos possuem a mesma probabilidade de serem escolhidos. O fato de um cromossomo ter participado numa disputa anterior não altera sua probabilidade de ser escolhido para uma nova disputa. A única restrição é que o cromossomo não pode disputar uma partida contra ele mesmo.

O cromossomo 2 adotando a estratégia *Hawk* seleciona o comportamento *Hawk*. O cromossomo 4 adotando a estratégia aleatória, escolhe de modo aleatório, com iguais probabilidades para os comportamentos *Hawk* e *Dove*. Nesse caso, o cromossomo 4 adota o comportamento *Hawk*.

Na segunda disputa se tem a situação *Hawk* vs. *Hawk*, onde ambos os competidores terão as suas aptidões aumentas em $\frac{1}{2}(V - C)$. Como o preço por se ferir é maior que o valor do recurso, os competidores tem suas aptidões diminuídas de 5 unidades. A figura 4.4 demonstra como fica a população depois da segunda disputa.

Cromossomo			Aptidão			Estratégia		
1	100	<i>Dove</i>				2	65	<i>Hawk</i>
3	130	TFT				4	105	Aleatório

Figura 4.4 – Estado da população após a segunda disputa

Para a terceira disputa são selecionados os cromossomos 1 e 3. Como o cromossomo 1 utiliza a estratégia *Dove*, ele adota o comportamento *Dove*. O cromossomo 3 utiliza a estratégia TIT FOR TAT, e por isso primeiro verifica se já competiu com cromossomo 1. Como esse é o primeiro encontro de ambos, o cromossomo 3 adota o comportamento *Dove*.

Nesse caso tem-se a situação *Dove* vs. *Dove*, onde ambos os participantes compartilham o recurso, ou seja, cada competidor terá sua adaptabilidade aumenta em 5 unidades. A figura 4.5 mostra o estado da população depois da terceira disputa.

Cromossomo			Aptidão	Estratégia		
1	105	Dove		2	65	Hawk
3	135	TFT		4	105	Aleatório

Figura 4.5 – Estado da população após a terceira disputa

Para a quarta e última disputa são selecionados novamente os cromossomos 2 e 3, os mesmos selecionados na primeira disputa. O cromossomo 2 adotando a estratégia *Hawk* utiliza o comportamento *Hawk*, mas o cromossomo 3 não irá repetir o mesmo comportamento. O cromossomo 3 adotando a estratégia TIT FOR TAT, primeiro verifica se já encontrou o cromossomo 2 em alguma disputa. Como nesse caso ambos já se encontraram, o cromossomo 3 escolhe o comportamento adotado pelo cromossomo 2 na disputa anterior, ou seja, o comportamento *Hawk*.

Nessa disputa tem-se a situação *Hawk* vs. *Hawk*, onde cada competidor terá sua adaptabilidade reduzida em 5 unidades. A figura 4.6 exibe o estado da população depois da quarta disputa.

Cromossomo			Aptidão	Estratégia		
1	105	Dove		2	60	Hawk
3	130	TFT		4	105	Aleatório

Figura 4.6 – Estado da população após a quarta disputa

A figura 4.7 exibe as Roletas da população antes e depois das disputas. Devido ao baixo número de disputas realizadas nesse exemplo, não há uma mudança significativa nos setores dos cromossomos. O cromossomo 1 conseguiu aumentar seu setor em 1,25%, porção retirada do cromossomo 4 que teve um desempenho fraco.

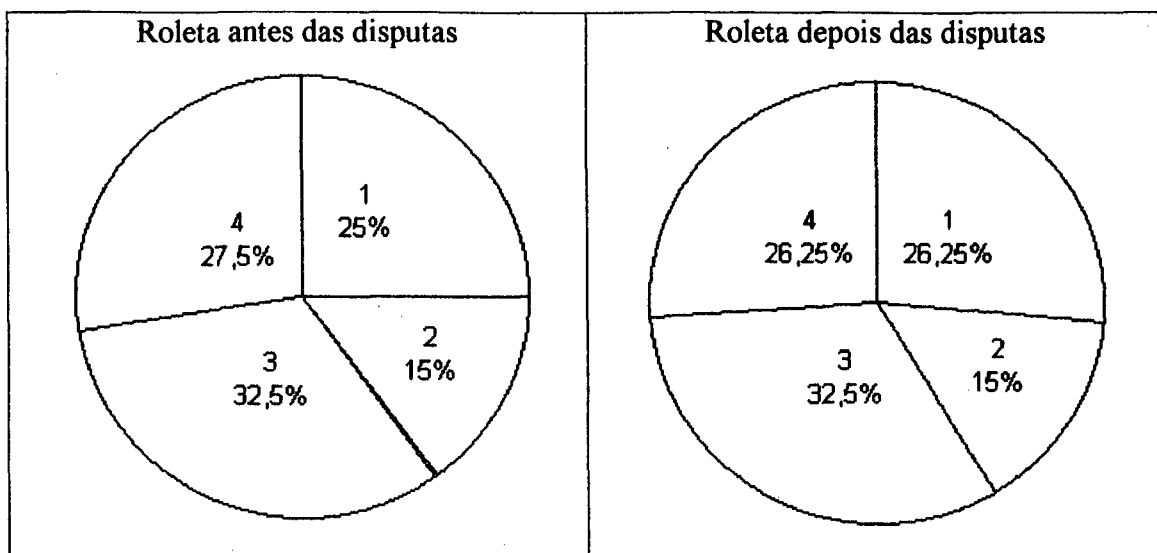


Figura 4.7 – Roleta da população antes e depois das disputas

4.2 Método Roleta *Hawk-Dove* sem alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta

No método HDR os cromossomos possuem uma etapa específica para tentarem melhorar suas aptidões, através de uma série de disputas entre si. Os cromossomos são escolhidos com iguais probabilidades para competirem no jogo. O método da Roleta é utilizado para selecionar os reprodutores, utilizando as aptidões modificadas pelas disputas.

No método Roleta *Hawk-Dove* sem alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta (RHDSA), não existe uma etapa exclusiva para os cromossomos tentarem melhorar suas aptidões. O jogo *Hawk-Dove* é mesclado junto com a Roleta, de modo que a Roleta não selecione diretamente os reprodutores, mas selecione os competidores para o jogo. A figura 4.8 exibe o pseudocódigo de um AG utilizando o método HDRSA.

Os competidores são selecionados para o jogo levando em consideração apenas o desempenho do genótipo dos cromossomos, pois os setores da Roleta são distribuídas entre os cromossomos antes que qualquer disputa ocorra (Etapa 3.1 da Figura 4.8), e permanecem inalteradas durante toda a geração.

1. Carregar população inicial;
2. Avaliar população inicial;
3. Repetir até m gerações:
 - 3.1. Montar a Roleta;
 - 3.2. Repetir até número de descendentes = tamanho da população
 - 3.2.1. Selecionar dois competidores utilizando a Roleta;
 - 3.2.2. Selecionar o primeiro pai através do jogo;
 - 3.2.3. Selecionar dois competidores utilizando a Roleta;
 - 3.2.4. Selecionar o segundo pai através do jogo;
 - 3.2.5. Aplicar a operação de recombinação sobre os pais selecionados pelo jogo;
 - 3.2.6. Aplicar a operação de mutação sobre os descendentes gerados no passo anterior;
 - 3.3. Substituir a população antiga pela nova;
 - 3.4. Avaliar a nova população.

Figura 4.8 – Pseudocódigo do algoritmo com o método RHDSA

O jogo *Hawk-Dove* é realizado nas etapas 3.2.2 e 3.2.4 da Figura 4.8. É necessário a realização de dois jogos para que dois reprodutores sejam selecionados para a operação de recombinação. Cada disputa seleciona um reprodutor entre os dois competidores selecionados pela Roleta.

O processo do jogo é idêntico ao do método HDR. Primeiro os participantes escolhem o comportamento a ser adotado na disputa, e conforme os comportamentos adotados pelos competidores, as seguintes situações podem ocorrer:

- *Hawk* vs. *Hawk*: ambos tem sua adaptabilidade alterada em $\frac{1}{2}(V - C)$. O cromossomo selecionado como pai é aquele que possuir a maior adaptabilidade. Caso os competidores tenham a mesma adaptabilidade, o pai é selecionado aleatoriamente, com iguais probabilidades para ambos;
- *Hawk* vs. *Dove*: o participante adotando o comportamento *Hawk* tem sua adaptabilidade aumenta em V , e é considerado como um dos pais. O outro competidor não sofre alteração em sua adaptabilidade;
- *Dove* vs. *Dove*: os competidores compartilham o recurso, aumentando sua adaptabilidade em $V/2$. O competidor que tiver a maior adaptabilidade é considerado com um dos pais. Caso ambos tenham a mesma adaptabilidade, o pai é escolhido aleatoriamente, com iguais probabilidades para ambos.

O funcionamento do método será exemplificado utilizando a população exibida na Figura 4.9, onde os setores da Roleta para cada cromossomo já estão definidas. O valor do recurso (V) é de 10 unidades e o valor do custo por se ferir (C) é 20 unidades de adaptabilidade.

[Setor na Roleta%]		
Cromossomo	Aptidão	Estratégia
[25%]		
1	100	Dove
[17,5%]		
2	70	Hawk
[32,5%]		
3	130	TFT
[25%]		
4	100	Aleatório

Figura 4.9 – Estado da população na Etapa 3.1

O primeiro passo é selecionar dois competidores, através da Roleta, para que o primeiro reprodutor seja definido. Neste caso os cromossomos 2 e 4 são selecionados.

O cromossomo 2 utilizando a estratégia *Hawk* adota o comportamento *Hawk* e o cromossomo 4 utilizando a estratégia Aleatória, escolhe aleatoriamente, com iguais probabilidades, um comportamento, que neste caso é o comportamento *Hawk*.

Nessa disputa tem-se a situação *Hawk* vs. *Hawk*, onde ambos os participantes tem sua adaptabilidade aumentada em $\frac{1}{2}(V - C)$, mas como o valor de C é maior que o valor de V, ambos terão sua adaptabilidade diminuída em cinco unidades. Com a adaptabilidade de ambos atualizada, é hora de definir quem será o reprodutor. Como a aptidão do cromossomo 4 é maior que a aptidão do cromossomo 2 ($95 > 65$), o cromossomo 4 é selecionado como o primeiro reprodutor.

A Figura 4.10 exhibe o estado da população depois do primeiro reprodutor ser definido. Observe que os setores da Roleta se mantêm constantes, apesar da adaptabilidade dos cromossomos 2 e 4 ter mudado.

[Setor na Roleta%]		
Cromossomo	Aptidão	Estratégia
[25%]		
1	100	Dove
[17,5%]		
2	65	Hawk
[32,5%]		
3	130	TFT
[25%]		
4	95	Aleatório

Figura 4.10 – População depois do primeiro reprodutor ser selecionado

O segundo passo é definir o próximo reprodutor. Novamente a Roleta é utilizada para selecionar dois competidores para o jogo, utilizando os mesmos setores do início do processo. Os cromossomos 1 e 4 são selecionados.

O cromossomo 1 utilizando a estratégia *Dove* adota o comportamento *Dove*. O cromossomo 4 utilizando a estratégia Aleatória, escolhe aleatoriamente, com iguais probabilidades, um comportamento, que neste caso será o comportamento *Dove*.

Nessa disputa temos a situação *Dove* vs. *Dove*, onde o recurso é compartilhado entre os dois participantes, ou seja, cada competidor terá sua adaptabilidade aumentada em cinco unidades.

Com as aptidões atualizadas é hora de selecionar quais dos competidores será o segundo reprodutor. Nesse caso, como a adaptabilidade do cromossomo 1 é maior que a do cromossomo 4 ($105 > 100$), o cromossomo 1 é escolhido como reprodutor. A figura 4.11 exibe o estado da população depois da escolha do segundo reprodutor.

[Setor na Roleta%]		
Cromossomo	Aptidão	Estratégia
[25%]		
1	100	Dove
[17,5%]		
2	65	Hawk
[32,5%]		
3	130	TFT
[25%]		
4	95	Aleatório

Figura 4.11 – População depois do segundo reprodutor ser selecionado

Caso a adaptabilidade dos competidores seja igual depois do jogo, o reprodutor é escolhido de forma aleatória entre os participantes com iguais probabilidades, caso os participantes adotem os mesmos comportamentos.

Depois de definidos os reprodutores, eles são entregues para a operação de recombinação (Etapa 3.2.5 da Figura 4.8), e seus filhos entregues para a operação de mutação (Etapa 3.2.6 da Figura 4.8). O processo é repetido até que o número de descendentes seja igual ao número de indivíduos da população. Observe que durante toda esta geração os setores dos cromossomos na Roleta serão as mesmas.

4.3 Método Roleta *Hawk-Dove* com alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta

A terceira proposta é o método Roleta *Hawk-Dove* com alteração das probabilidades de seleção de cada cromossomo na Roleta (RHDCA). Este método utiliza as mesmas diretrizes do método RHDSA, mas a Roleta que seleciona os competidores para o jogo é atualizada em cada ciclo, ou seja, toda vez que dois descendentes são gerados, a Roleta é atualizada para refletir as alterações na aptidão sofrida pelos quatro cromossomos que disputaram o jogo. A figura 4.12 exibe o pseudocódigo do algoritmo com o método RHDCA.

1. Carregar população inicial;
2. Avaliar população inicial;
3. Repetir até m gerações:
 - 3.1. Repetir até número de descendentes = tamanho da população
 - 3.1.1. Montar a Roleta;
 - 3.1.2. Selecionar dois competidores utilizando a Roleta;
 - 3.1.3. Selecionar o primeiro pai através do jogo;
 - 3.1.4. Selecionar dois competidores utilizando a Roleta;
 - 3.1.5. Selecionar o segundo pai através do jogo;
 - 3.1.6. Aplicar a operação de recombinação sobre os pais selecionados jogo;
 - 3.1.7. Aplicar a operação de mutação sobre os descendentes gerados no passo anterior;
 - 3.2. Substituir a população antiga pela nova;
 - 3.3. Avaliar a nova população.

Figura 4.12 – Pseudocódigo do algoritmo com o método RHDCA

Conforme demonstrado na Figura 4.12, a montagem da Roleta (Etapa 3.1.1) se encontra dentro do ciclo de geração dos descendentes (Etapa 3.1). No método RHDSA a montagem da Roleta se encontrava fora do ciclo, ou seja, seus valores permaneciam inalterados durante toda a geração.

O processo de seleção dos competidores, a disputa entre os cromossomos para definir o reprodutor e a etapa de criação dos descendentes são idênticas ao do método RHDSA, pois as Etapas 3.2.1 à 3.2.6 da Figura 4.8 são equivalentes as Etapas 3.1.2 à 3.1.7 da Figura 4.12.

A diferença fica evidente na criação dos próximos descendentes. No método RHDSA os setores da Roleta dos cromossomos são as mesmas utilizadas para criar os primeiros descendentes, e no método RHDCA os setores são atualizadas com os reais valores da adaptabilidade dos cromossomos. A Figura 4.13 exhibe as Roletas utilizadas pelos métodos para selecionarem os próximos competidores e a Figura 4.14 exhibe o estado da população.

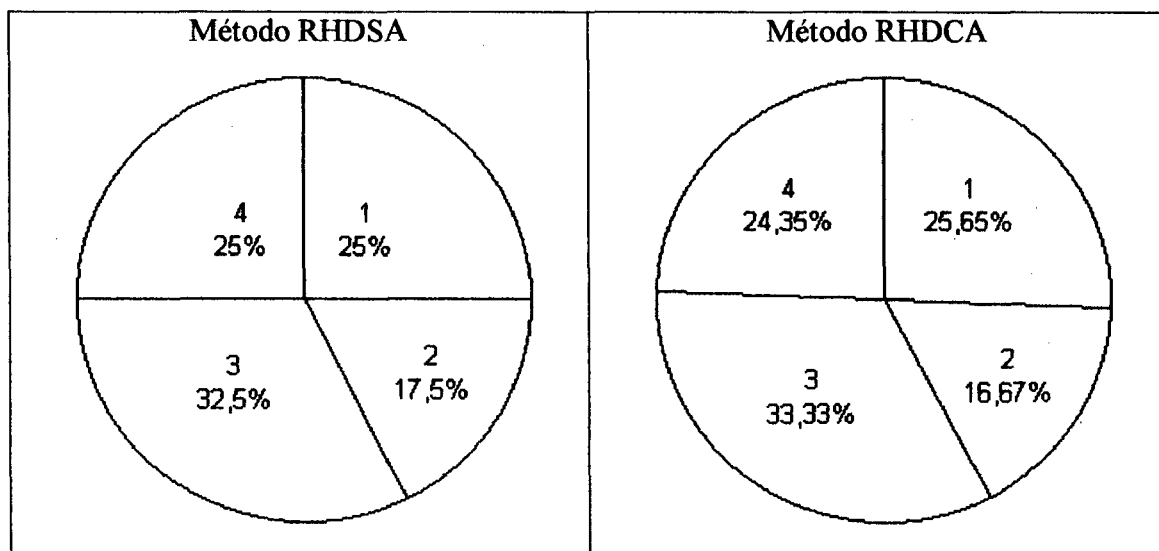


Figura 4.13 – Roleta utilizada para a escolha dos competidores

[Setor na Roleta%]		
Cromossomo	Aptidão	Estratégia
Método RHDSA		
[25%]		
1	100	<i>Dove</i>
[17,5%]		
2	65	<i>Hawk</i>
[32,5%]		
3	130	TFT
[25%]		
4	95	Aleatório
Método RHDCA		
[25,65%]		
1	100	<i>Dove</i>
[16,67%]		
2	65	<i>Hawk</i>
[33,33%]		
3	130	TFT
[24,35%]		
4	95	Aleatório

Figura 4.14 – Estado da população

5 AVALIAÇÃO DOS MÉTODOS

Para avaliar o desempenho dos métodos propostos e as estratégias utilizadas, uma série de simulações são realizadas com o intuito de criar uma base de dados consistente, sobre o qual se aplicará testes estatísticos. O método Tradicional, ou seja, o método da Roleta sem a inclusão do jogo *Hawk-Dove*, é utilizado como base para a comparação dos métodos. A Figura 5.1 exibe o pseudocódigo do método Tradicional.

1. Carregar população inicial;
2. Avaliar população inicial;
3. Repetir até m gerações:
 - 3.1. Montar a Roleta;
 - 3.2. Repetir até número de descendentes = tamanho da população:
 - 3.2.1. Selecionar dois pais utilizando a Roleta;
 - 3.2.2. Aplicar a operação de recombinação sobre os pais selecionados no passo anterior;
 - 3.2.3. Aplicar a operação de mutação sobre os descendentes gerados no passo anterior;
 - 3.3. Substituir a população antiga pela nova;
 - 3.4. Avaliar a nova população.

Figura 5.1 – Pseudocódigo do método tradicional

O problema utilizado para os métodos resolverem nas simulações é o problema do caixeiro viajante, com uma instância de 26 cidades com distâncias simétricas.

No planejamento das simulações são definidas as variáveis respostas utilizadas para medir o desempenho dos métodos, bem como os fatores que influenciam tais variáveis.

Com um teste de hipóteses sobre os dados obtidos nas simulações, é verificado se as diferenças observadas nos dados não são meramente casuais, comprovando a existência de uma diferença entre os métodos propostos e o método Tradicional.

Através de uma análise descritiva dos dados os métodos são comparados e avaliados quanto ao seu desempenho, utilizando as medidas descritivas média e desvio padrão.

A fim de determinar quais os fatores que mais influenciam as variáveis repostas, e os valores utilizados pelos fatores de modo a minimizar os resultados das variáveis repostas bem como sua variabilidade, é realizado uma análise de variância (ANOVA).

Para completar a análise dos métodos algumas simulações são demonstradas, onde a evolução do método utilizando determinada estratégia é observada passo a passo.

Algumas simulações extras do método Tradicional com o melhor dos três métodos são realizados a parte, de modo a verificar a diferença existente entre os métodos em situações fora do contexto do planejamento inicial.

5.1 O Problema do Caixeiro Viajante

O problema do caixeiro viajante (PCV), também conhecido como *Traveling Salesman Problem*, é um problema clássico da otimização combinatória, tendo despertado grande interesse nos pesquisadores da área. É um problema simples de descrever mas difícil de resolver, possuindo inúmeras aplicações práticas. O PCV pertence a classe de problemas NP-difíceis, no qual o tempo gasto para resolvê-lo cresce exponencialmente ao tamanho da instância (Bureal, 2000).

A definição do problema é a seguinte: um caixeiro viajante possui um conjunto de cidades e um custo c_{ij} associado a cada par de cidades i e j deste conjunto, representando a distância de ir da cidade i à cidade j . O caixeiro deve partir de uma cidade inicial, passar por todas as demais uma única vez e retornar à cidade de partida, cumprindo esta tarefa no menor caminho possível (Bureal, 2000).

Um PCV pode ser definido formalmente através de um grafo completo. Dado $G = (V, A)$ um grafo no qual V é o conjunto de n vértices e A é o conjunto de arcos ou arestas que conectam cada par de cidades i e $j \in V$, com um custo c_{ij} associado. O problema consiste em encontrar a rota de menor custo, passando uma única vez pelos vértices (Bureal, 2000).

O PCV é considerado simétrico se $c_{ij} = c_{ji}$ para cada cidade $i, j \in V$, e assimétrico se possuir pelo menos um único caso em que $c_{ij} \neq c_{ji}$ (Bureal, 2000).

Para validar os métodos propostos, um PCV simétrico é utilizado, utilizando uma lista de 26 cidades, que correspondem as capitais dos estados brasileiros, com exceção de Macapá, cujas distâncias às outras capitais não se encontram na base de dados do DNER (2000). As distâncias utilizadas se encontram no Anexo A.

Conforme West (1996), o número total de soluções candidatas (rotas) para um PCV simétrico é $(n - 1)! / 2$. Utilizando uma instância de 26 cidades ($n = 26$), tem-se $7,75 \times 10^{24}$ possibilidades. Vamos considerar a existência de uma máquina que consiga avaliar 1.000.000.000 possibilidades por segundo, o que totalizaria $3,15 \times 10^{16}$ possibilidades avaliadas por ano. Esta máquina conseguiria avaliar todas as possibilidades, encontrando a solução ótima para esta coleção de cidades, em $2,46 \times 10^8$ anos.

Buscar a solução ótima através de uma busca exaustiva entre todas as possibilidades, apesar de ser um método de fácil implementação, não é viável, pois conforme demonstrado acima, mesmo com um super computador, ainda levaria um tempo impraticável para se encontrar a resposta.

Vários problemas poderiam ser utilizados como plataforma de teste para os métodos propostos. A escolha do PCV se deve a sua simples implementação e a sua grande explosão combinatorial, possuindo uma vasta superfície adaptativa por onde os cromossomos podem se movimentar, conforme demonstrado acima.

5.2 Implementação da aplicação

Como não foi encontrada nenhuma aplicação de Algoritmos Genéticos adequada aos testes de inserção dos métodos propostos na operação de seleção, foi necessário implementar tal aplicação, aproveitando para adaptá-la à plataforma de teste.

Cada cromossomo representa uma rota para o problema do Caixeiro Viajante. A rota é obtida pela ordem dos genes do cromossomo, com cada gene possuindo um valor numérico inteiro, representando uma cidade a ser percorrida. O número de genes do cromossomo e o alfabeto disponível para os alelos depende do número de cidades a serem percorridas, conforme demonstrado na Figura 5.2.

Número de cidades: 10										
Cromossomo →	4	9	3	0	5	1	7	6	2	8

Figura 5.2 – Exemplo de cromossomo empregado na simulação

O desempenho do genótipo do cromossomo é calculado através de uma função de avaliação, que retorna a diferença entre o somatório das distâncias da população e a distância do presente cromossomo. Como exemplificado na Figura 5.3, o desempenho do primeiro cromossomo é obtido através da equação: *Somatório das distâncias – Distância do cromossomo = Desempenho do cromossomo* ($5.300 - 1.200 = 4.100$).

A equação acima corresponde a um critério arbitrariamente escolhido para representar as aptidões dos cromossomos no problema. Muitos outros critérios poderiam ter sido adotados no lugar deste, tal qual, por exemplo, a razão entre a distância total e a alcançada por cada cromossomo, normalizadas para o somatório das mesmas igual a 1.

Como se pode observar, um mesmo cromossomo possuirá valores de desempenho (adaptabilidade) diferentes dependendo da população na qual esteja inserido. A adaptabilidade do cromossomo é a probabilidade de o mesmo ser escolhido como reprodutor considerando o desempenho total da população, conforme mostrado na Figura 5.3.

Cromossomo					Distância (Km)	Desempenho	Adaptabilidade (%)
0	2	1	4	3	1.200	4.100	19,34
2	4	3	1	0	900	4.400	20,75
4	3	2	0	1	1.100	4.200	19,80
3	4	2	1	0	800	4.500	21,22
3	2	0	1	4	1.300	4.000	18,89
					5.300	21.200	100

Figura 5.3 – Cálculo da adaptabilidade do cromossomo empregada na simulação

A operação de seleção utiliza um dos métodos propostos, citados no capítulo 4, ou o método tradicional, citado na seção 2.2.1.

Como o problema do Caixeiro Viajante possui algumas regras que devem ser observadas para que a solução seja considerada válida. Os métodos citados nas seções 2.2.2 e 2.2.3 para a operação de recombinação e mutação, respectivamente, não podem ser empregados diretamente, pois gerariam soluções inválidas.

A operação de recombinação utiliza um único ponto de corte, não levando em consideração o conteúdo de cada gene, ou seja, tem o mesmo funcionamento do método exemplificado na Figura 2.2. O descendente gerado é considerado inválido caso tenha dois ou mais genes com o mesmo alelo, ou seja, sua rota passa duas ou mais vezes pela mesma cidade, e consequentemente não passa por todas as cidades.

O cromossomo considerado inválido é corrigido, trocando os alelos repetidos por aqueles que estão faltando, de forma a utilizar todos os alelos no cromossomo. A Figura 5.4 exemplifica tal processo.

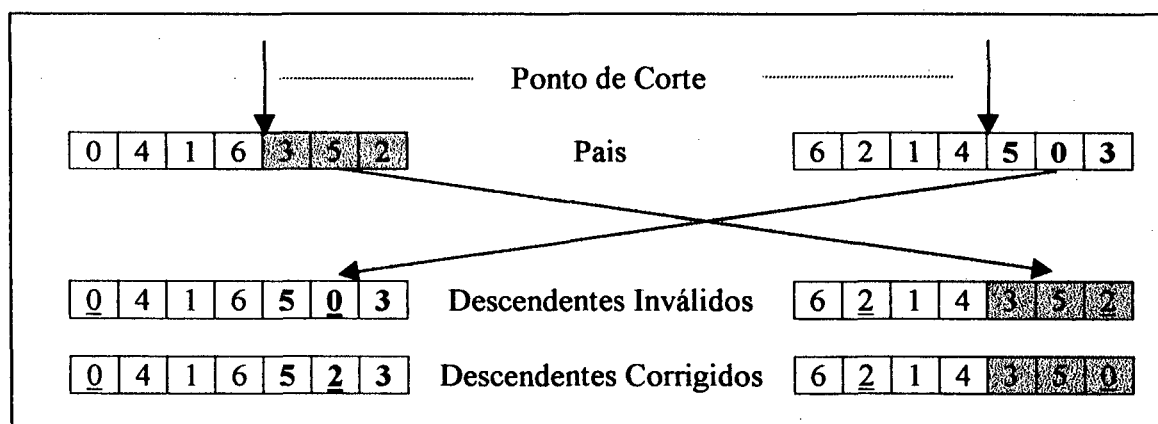


Figura 5.4 – Operação de Recombinação empregada na simulação

Na operação de mutação, ao invés de alterar o alelo do gene, o gene selecionado troca de lugar com o gene que possui o alelo que deve assumir a sua posição, de forma a manter o cromossomo sempre válido, conforme demonstrado na Figura 5.5.

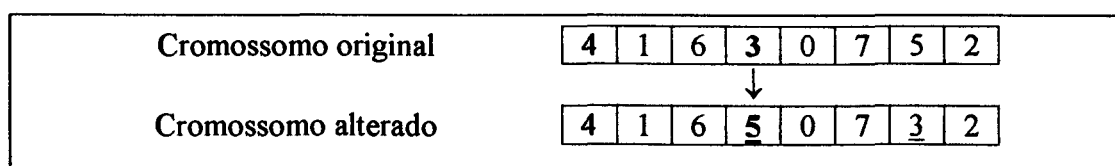


Figura 5.5 – Operação de mutação empregada na simulação

5.3 Planejamento das simulações

Para que os métodos possam ser analisados através de uma abordagem estatística, é necessário um planejamento rigoroso de como os dados serão coletados, de modo que os dados levantados forneçam informações relevantes.

O objetivo principal do experimento é comprovar que os métodos propostos produzem resultados melhores que os do método Tradicional. Como objetivo secundário está a análise dos fatores que influenciam no resultado produzido pelos métodos.

Cada método fornece duas variáveis respostas, que serão utilizadas para avaliar o desempenho dos métodos. A primeira variável resposta é a distância encontrada pelo método na resolução do problema do caixeiro viajante, descrito na seção anterior.

A segunda variável resposta indica a geração em que a distância retornada como resposta apareceu pela primeira vez. Com estas duas variáveis é possível medir a qualidade das respostas fornecidas pelos métodos.

Há muitos fatores que influenciam nas respostas encontradas pelos métodos, sendo alguns oriundos do Algoritmo Genético e outros do jogo *Hawk-Dove*. Os fatores cujos níveis permanecerão constantes durante os ensaios são:

- População inicial: normalmente a população inicial de um AG é criada aleatoriamente, mas a fim de controlar este fator a população inicial utilizada pelos ensaios é fixa, e se encontra no Anexo B;
- Cidade inicial: é a cidade de partida do caixeiro viajante, cujo valor é Brasília;
- População: especifica o número de cromossomos em cada geração, fixado em 200;
- Geração: especifica o número de evoluções que o algoritmo deverá atingir antes de terminar, fixado em 10.000;
- Disputas: determina o número de partidas realizadas pelos indivíduos durante o Jogo *Hawk-Dove* no método HDR, fixado em 5.000.

Os fatores cujos níveis serão alterados durante a realização do experimento são:

- *Crossover*: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de recombinação sobre dois indivíduos. São utilizados os valores 0.5, 0.6, 0.7 ou 0.8;
- *Mutação*: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de mutação. Utiliza os valores 0.01, 0.005 ou 0.001;
- *Recurso e Ferir-se [V, C]*: especificam os valores da tabela do jogo *Hawk-Dove*. Utiliza os valores [10, 20], [20, 10], [25, 50] ou [50, 25].

Para identificar a estratégia que auxilia os métodos a produzirem os melhores resultados, os ensaios são agrupados conforme as estratégias utilizadas pelos cromossomos, sendo eles:

- *Aleatório*: os cromossomos utilizam a estratégia *Aleatória*;
- *Dove*: os cromossomos utilizam a estratégia *Dove*;
- *Hawk*: os cromossomos utilizam a estratégia *Hawk*;
- *TFT25*: os 25% melhores cromossomos da população utilizam a estratégia TIT FOR TAT, e os demais utilizam a estratégia *Aleatória*;
- *TFT50*: da mesma forma que a *TFT25*, mas com 50% da população utilizando a estratégia TIT FOR TAT;
- *TFT75*: da mesma forma que a *TFT25*, mas com 75% da população utilizando a estratégia TIT FOR TAT;
- *Misto*: todas as estratégias estão disponíveis, sendo que inicialmente cada estratégia (*Aleatória*, *Dove*, *Hawk* ou *TFT*) possui 25% da população. Na operação de recombinação, o cromossomo com o melhor desempenho, ou seja, aquele que conseguiu aumentar mais a sua adaptabilidade, passará sua estratégia para seus descendentes. No caso de ambos os pais terem o mesmo desempenho, ambos passarão suas estratégias para os descendentes.

Para cada grupo de estratégia existem 48 tratamentos a serem ensaiados, que são as combinações específicas dos níveis de diferentes fatores analisados. O Anexo C exhibe os tratamentos utilizados. De modo a minimizar os efeitos aleatórios são realizados 100 ensaios para cada tratamento, formando uma base de dados com 4.800 amostras para cada grupo de estratégias.

5.4 Análise dos testes de hipóteses

Os testes de hipóteses (ou testes de significância) procuram estabelecer, com certa confiança, que as diferenças observadas nos dados fornecidos pelos diferentes métodos não são meramente casuais, ou seja, os métodos produzem resultados diferentes.

As duas variáveis de resposta (Geração e Distância) serão submetidas a testes de hipóteses, conforme a seguir:

- H_0 : em média, os conjuntos i e j produzem os mesmos resultados;
- H_1 : em média, os conjuntos i e j produzem resultados diferentes.

Para que a hipótese nula (H_0) seja rejeitada, a probabilidade de significância deve ser menor que o nível de significância, fixado em 1%. Quando a hipótese nula for rejeitada a probabilidade de significância é apresentada em **negrito**.

Os primeiros testes realizados irão comprovar que as estratégias utilizadas por cada método produzem resultados diferentes entre elas e em relação ao método Tradicional.

Conforme demonstra a Tabela 5.1, para o método HDR, apenas os grupos Aleatório, TFT25, TFT50 e Misto produzem resultados diferentes ao do método Tradicional quanto a geração em que a menor distância é encontrada pela primeira vez. Entre os grupos de estratégias utilizadas no método, apenas o grupo *Dove* e TFT25 produzem resultados diferentes, enquanto que aos demais não é possível comprovar a existência de diferenças significativas.

Tabela 5.1 – Probabilidades de significância da variável Geração no método HDR

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	HDR Aleatório	HDR Hawk	HDR Dove	HDR TFT25	HDR TFT50	HDR TFT75	HDR Misto
Tradicional		0,00084	0,03936	0,14983	0,00003	0,00022	0,01624	0,00903
HDR Aleatório	0,00084		0,19980	0,06015	0,41560	0,74902	0,32038	0,47009
HDR Hawk	0,03936	0,19980		0,54314	0,03390	0,10620	0,76913	0,57052
HDR Dove	0,14983	0,06015	0,54314		0,00718	0,02573	0,36402	0,23333
HDR TFT25	0,00003	0,41560	0,03390	0,00718		0,61971	0,07212	0,12166
HDR TFT50	0,00022	0,74902	0,10620	0,02573	0,61971		0,18965	0,29369
HDR TFT75	0,01624	0,32038	0,76913	0,36402	0,07212	0,18965		0,79108
HDR Misto	0,00903	0,47009	0,57052	0,23333	0,12166	0,29369	0,79108	

Tabela 5.2 – Probabilidades de significância da variável Distância no método HDR

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	HDR Aleatório	HDR Hawk	HDR Dove	HDR TFT25	HDR TFT50	HDR TFT75	HDR Misto
Tradicional		0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
HDR Aleatório	0,00000		0,14507	0,00912	0,23043	0,20746	0,19284	0,86872
HDR Hawk	0,00000	0,14507		0,24069	0,00746	0,00533	0,00579	0,19374
HDR Dove	0,00000	0,00912	0,24069		0,00010	0,00011	0,00009	0,01372
HDR TFT25	0,00000	0,23043	0,00746	0,00010		0,94762	0,92148	0,17059
HDR TFT50	0,00000	0,20746	0,00533	0,00011	0,94762		0,97305	0,14992
HDR TFT75	0,00000	0,19284	0,00579	0,00009	0,92148	0,97305		0,14091
HDR Misto	0,00000	0,86872	0,19374	0,01372	0,17059	0,14992	0,14091	

Para a variável Distância o método HDR, utilizando qualquer estratégia, produz resultados diferentes aos produzidos pelo método Tradicional, conforme demonstrado na Tabela 5.2. Entre os grupos, as estratégias TFT exibem diferenças significativas em relação as estratégias Dove e Hawk, e a estratégia Aleatório em relação a estratégia Dove.

O método RHDSA produz resultados diferentes aos do método Tradicional, utilizando qualquer uma das estratégias, para a variável Geração e para a variável Distância, conforme exibido nas Tabelas 5.3 e 5.4. Entre as estratégias utilizadas pelo método, as seguintes não apresentaram evidências significativas de existir diferenças entre elas: Aleatório e TIT FOR TAT, *Dove* e *Hawk* e Misto, e entre as TIT FOR TAT.

Tabela 5.3 – Probabilidades de significância da variável Geração no método RHDSA

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	RHDSA Aleatório	RHDSA <i>Hawk</i>	RHDSA <i>Dove</i>	RHDSA TFT25	RHDSA TFT50	RHDSA TFT75	RHDSA Misto
Tradicional		0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
RHDSA Aleatório	0,00000		0,00000	0,00000	0,61295	0,86269	0,99090	0,00000
RHDSA <i>Hawk</i>	0,00000	0,00000		0,06315	0,00000	0,00000	0,00000	0,67539
RHDSA <i>Dove</i>	0,00000	0,00000	0,06315		0,00000	0,00000	0,00000	0,15538
RHDSA TFT25	0,00000	0,61295	0,00000	0,00000		0,49041	0,60664	0,00000
RHDSA TFT50	0,00000	0,86269	0,00000	0,00000	0,49041		0,87172	0,00000
RHDSA TFT75	0,00000	0,99090	0,00000	0,00000	0,60664	0,87172		0,00000
RHDSA Misto	0,00000	0,00000	0,67539	0,15538	0,00000	0,00000	0,00000	

Tabela 5.4 – Probabilidades de significância da variável Distância no método RHDSA

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	RHDSA Aleatório	RHDSA Hawk	RHDSA Dove	RHDSA TFT25	RHDSA TFT50	RHDSA TFT75	RHDSA Misto
Tradicional		0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00003	0,00000
RHDSA Aleatório	0,00000		0,00000	0,00000	0,02529	0,02414	0,00413	0,00000
RHDSA Hawk	0,00000	0,00000		0,92890	0,00000	0,00000	0,00000	0,16925
RHDSA Dove	0,00000	0,00000	0,92890		0,00000	0,00000	0,00000	0,14804
RHDSA TFT25	0,00000	0,02529	0,00000	0,00000		0,98196	0,51220	0,00000
RHDSA TFT50	0,00000	0,02414	0,00000	0,00000	0,98196		0,53207	0,00000
RHDSA TFT75	0,00003	0,00413	0,00000	0,00000	0,51220	0,53207		0,00000
RHDSA Misto	0,00000	0,00000	0,16925	0,14804	0,00000	0,00000	0,00000	

Comparando os resultados apresentados pelo método RHDSA (Tabela 5.3 e 5.4) com os resultados apresentados pelo método RHDCA (Tabela 5.5 e 5.6) observa-se que os conjuntos que se mostraram significativos são os mesmos em ambos os métodos.

Tabela 5.5 – Probabilidades de significância da variável Geração no método RHDCA

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	RHDCA Aleatório	RHDCA Hawk	RHDCA Dove	RHDCA TFT25	RHDCA TFT50	RHDCA TFT75	RHDCA Misto
Tradicional		0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
RHDCA Aleatório	0,00000		0,00000	0,00000	0,63659	0,39026	0,79594	0,00000
RHDCA Hawk	0,00000	0,00000		0,38585	0,00000	0,00000	0,00000	0,22408
RHDCA Dove	0,00000	0,00000	0,38585		0,00000	0,00000	0,00000	0,72139
RHDCA TFT25	0,00000	0,63659	0,00000	0,00000		0,68044	0,46533	0,00000
RHDCA TFT50	0,00000	0,39026	0,00000	0,00000	0,68044		0,25661	0,00000
RHDCA TFT75	0,00000	0,79594	0,00000	0,00000	0,46533	0,25661		0,00000
RHDCA Misto	0,00000	0,00000	0,22408	0,72139	0,00000	0,00000	0,00000	

Tabela 5.6 – Probabilidades de significância da variável Distância no método RHDCA

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	Tradicional	RHDCA Aleatório	RHDCA Hawk	RHDCA Dove	RHDCA TFT25	RHDCA TFT50	RHDCA TFT75	RHDCA Misto
Tradicional		0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
RHDCA Aleatório	0,00000		0,00000	0,00000	0,66353	0,95155	0,71307	0,00000
RHDCA Hawk	0,00000	0,00000		0,60901	0,00000	0,00000	0,00000	0,22747
RHDCA Dove	0,00000	0,00000	0,60901		0,00000	0,00000	0,00000	0,09167
RHDCA TFT25	0,00000	0,66353	0,00000	0,00000		0,70862	0,94711	0,00000
RHDCA TFT50	0,00000	0,95155	0,00000	0,00000	0,70862		0,76111	0,00000
RHDCA TFT75	0,00000	0,71307	0,00000	0,00000	0,94711	0,76111		0,00000
RHDCA Misto	0,00000	0,00000	0,22747	0,09167	0,00000	0,00000	0,00000	

A exceção ocorre na comparação dos conjuntos Aleatório e TFT75, que se mostram significativos na variável Distância no método RHDSA e não apareceram significativos no método RHDCA.

Com os resultados apresentados pelos métodos RHDSA e RHDCA são muitos parecidos, resolveu-se comparar os métodos propostos em relação as estratégias utilizadas por eles. Os resultados desses testes se encontram no Anexo D.

Os teste mostraram que o método HDR apresenta evidências significativas de produzir resultados diferentes aos dos métodos RHDSA e RHDCA, mas os métodos RHDSA e RHDCA não mostraram evidências significativas de produzirem resultados diferentes.

5.5 Análise descritiva dos resultados

A análise descritiva dos resultados obtidos pelos métodos mostrará qual o método que apresenta os melhores resultados, considerando a média e a variância dos dados observados. Para se visualizar graficamente o comportamento dos dados, os histogramas dos conjuntos analisados se encontram no Anexo E.

Neste trabalho são utilizadas 4.800 amostras para cada método, conforme apresentado na seção 5.2, mas o usuário final não realizará esse montante de amostras quando utilizar o método. Essa análise indica os resultados médios que o usuário pode esperar utilizando cada método.

A variável *Geração* indica em qual geração a melhor solução para o problema foi encontrado pela primeira vez, ou seja, dentre as 10.000 gerações permitidas, em qual delas a menor distância apareceu pela primeira vez.

A variável *Distância* especifica a distância em quilômetros do trajeto sugerido pelo AG como resposta para a instância utilizada no problema do caixeiro viajante.

A Tabela 5.7 apresenta a análise descritiva da variável *Geração*, obtidos pelo método HDR e pelo método Tradicional. Conforme demonstrado na análise, as melhores soluções são encontradas, em média, no mesmo intervalo para o método Tradicional e por todas as estratégias utilizadas pelo método HDR.

Os resultados apresentados pelo método HDR são, em média, ligeiramente melhores que os resultados obtidos pelo método Tradicional, mas possuem uma variância maior.

Tabela 5.7 – Análise descritiva da variável Geração no método HDR

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	5.523,95	2.857,901	137	10.000
HDR Aleatório	4.800	5.330,62	2.909,556	200	9.999
HDR Hawk	4.800	5.404,71	2.889,578	198	9.998
HDR Dove	4.800	5.440,28	2.916,775	165	10.000
HDR TFT25	4.800	5.283,19	2.937,682	246	10.000
HDR TFT50	4.800	5.312,15	2.900,859	194	9.999
HDR TFT75	4.800	5.387,74	2.885,216	183	10.000
HDR Misto	4.800	5.372,40	2.902,922	215	10.000

A Tabela 5.8 apresenta a análise descritiva da variável *Distância* para o método HDR e o método Tradicional, onde se observa o desempenho superior do método HDR sobre o método Tradicional, apresentando as menores médias e a menor variância nos resultados.

Observa-se que as menores médias são obtidas pela estratégia TIT FOR TAT, e conforme a porcentagem de cromossomos adotando tal estratégia aumenta, o valor médio e a variância diminuem, mas com pouca intensidade.

Tabela 5.8 – Análise descritiva da variável Distância

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	24.607,10	2.407,838	20.409	35.580
HDR Aleatório	4.800	24.268,59	2.324,559	20.409	34.764
HDR Hawk	4.800	24.328,30	2.276,145	20.409	34.448
HDR Dove	4.800	24.375,95	2.320,724	20.409	34.220
HDR TFT25	4.800	24.220,27	2.276,465	20.409	34.432
HDR TFT50	4.800	24.217,69	2.272,653	20.409	32.344
HDR TFT75	4.800	24.216,33	2.264,144	20.409	32.937
HDR Misto	4.800	24.275,28	2.296,201	20.409	34.423

A Tabela 5.9 apresenta a análise descritiva da variável *Geração* para o método RHDSA e o método Tradicional. Observa-se que no método RHDSA os melhores resultados são encontrados quase na metade do tempo exigido pelo método Tradicional, com uma variância similar.

Tabela 5.9 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	5.523,95	2.857,901	137	10.000
RHDSA Aleatório	4.800	2.945,48	3.008,148	65	10.000
RHDSA Hawk	4.800	2.158,97	2.781,067	47	9.999
RHDSA Dove	4.800	2.263,95	2.841,251	40	9.996
RHDSA TFT25	4.800	2.914,69	2.993,132	53	9.999
RHDSA TFT50	4.800	2.956,07	3.029,104	78	9.998
RHDSA TFT75	4.800	2.946,17	3.034,304	64	9.997
RHDSA Misto	4.800	2.182,41	2.821,151	51	9.998

O ótimo desempenho do método RHDSA para a variável *Geração* não se refletiu na variável *Distância*. Os resultados encontrados apresentaram uma média superior ao do método Tradicional, conforme demonstrado na Tabela 5.10.

Tabela 5.10 – Análise descritiva da variável *Distância* no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	24.607,10	2.407,838	20.409	35.580
RHDSA Aleatório	4.800	24.920,02	2.339,099	20.409	35.037
RHDSA Hawk	4.800	25.243,50	2.401,880	20.409	35.917
RHDSA Dove	4.800	25.247,75	2.429,025	20.409	35.933
RHDSA TFT25	4.800	24.820,20	2.285,421	20.409	35.660
RHDSA TFT50	4.800	24.819,20	2.325,649	20.409	36.074
RHDSA TFT75	4.800	24.791,70	2.282,284	20.409	35.437
RHDSA Misto	4.800	25.178,95	2.387,200	20.409	34.540

A Tabela 5.11 apresenta a análise descritiva da variável *Geração* para o método RHDSA e o método Tradicional, onde se observa uma similaridade de resultados muito grande ao do método RHDSA, já indicado pelo teste de hipóteses.

Tabela 5.11 – Análise descritiva da variável *Geração* no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	5.523,95	2.857,901	137	10.000
RHDSA Aleatório	4.800	2.974,59	3.007,663	73	10.000
RHDSA Hawk	4.800	2.156,36	2.802,216	45	9.993
RHDSA Dove	4.800	2.204,46	2.802,216	43	9.999
RHDSA TFT25	4.800	2.946,15	3.010,153	64	9.999
RHDSA TFT50	4.800	2.921,59	3.017,490	69	9.999
RHDSA TFT75	4.800	2.990,11	3.019,314	55	10.000
RHDSA Misto	4.800	2.224,52	2.822,554	42	9.998

A Tabela 5.12 apresenta a análise descritiva da variável *Distância* para o método RHDSA e o método Tradicional. Observa-se que os resultados apresentados são similares aos apresentados pelo método RHDSA com uma ligeira melhora.

Tabela 5.12 – Análise descritiva da variável *Distância* no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	4.800	24.607,10	2.407,838	20.409	35.580
RHDSA Aleatório	4.800	24.805,72	2.298,636	20.409	35.179
RHDSA Hawk	4.800	25.228,17	2.362,981	20.409	35.563
RHDSA Dove	4.800	25.251,92	2.400,953	20.409	35.757
RHDSA TFT25	4.800	24.824,82	2.266,604	20.409	35.420
RHDSA TFT50	4.800	24.808,35	2.318,674	20.409	36.312
RHDSA TFT75	4.800	24.821,90	2.321,482	20.409	34.838
RHDSA Misto	4.800	25.171,20	2.448,782	20.409	36.377

Todos os métodos encontraram o mesmo valor mínimo para a variável *Distância*. Esse ponto provavelmente é um ponto de mínimo local na superfície de resposta, não sendo possível comprovar se tal ponto é o mínimo global. No total os métodos encontraram dezesseis rotas cujas distâncias para percorre-las é de 20.409 Km, ou seja, encontraram dezesseis pontos de mínimo local. Essas rotas são exibidas no Anexo F.

A similaridade dos resultados já havia sido indicada no teste de hipóteses, que demonstrou claramente que os métodos RHDSA e RHDCA não apresentavam evidências suficientes para comprovar uma diferença significativa nos resultados obtidos.

Conforme a análise descritiva realizada, fica claro a superioridade do método HDR sobre os demais quanto a variável *Distância*, possuindo um valor médio e uma variância menor que os demais métodos.

Quanto a variável *Geração* os métodos RHDSA e RHDCA obtiveram os melhores resultados, mas tais métodos não possuem um bom desempenho quanto ao resultado encontrado. A variável *Geração* reflete o tempo necessário para se encontrar uma boa resposta, enquanto que a variável *Distância* reflete o quanto a resposta é boa.

Por esse motivo a variável *Distância* é considerada mais importante que a variável *Geração*, já que a geração consome recursos computacionais enquanto que a distância consome recursos materiais, como o combustível gasto para percorrer todas as cidades, no problema em questão.

O método HDR utilizando a estratégia TIT FOR TAT é considerado o melhor dos métodos propostos, além de apresentar resultados melhores que os apresentados pelo método Tradicional, indicando que a inserção do jogo na operação de seleção utilizada pelos AG melhora o desempenho dos mesmos.

5.6 Análise de variância (ANOVA)

Com o intuito de determinar quais os fatores que influenciam os resultados obtidos pelos métodos, bem como os valores utilizados pelos fatores de modo a minimizar os resultados, é realizado uma análise de variância, utilizando o método ANOVA.

O método identifica os fatores que influenciam os resultados desejados. A análise é realizada para as variáveis *Geração* e *Distância*, identificando os fatores que influenciam a média e o desvio padrão dessas variáveis. No caso do desvio padrão se trabalhou com o seu logaritmo, de modo que os dados ficassem mais próximos de uma curva normal.

Tabela 5.13 – Análise de variância para a variável Geração

Fator	Média		Desvio Padrão	
	F	p-level	F	p-level
Método	8.892,998	0,0000	0,670	0,5120
Estratégia	99,572	0,0000	23,788	0,0000
Recombinação	14,115	0,0000	0,516	0,6708
Mutação	68,484	0,0000	489,723	0,0000
Jogo[V, C]	0,368	0,7758	0,121	0,9474

Os fatores incluídos na análise e seus níveis são os mesmos utilizados na especificação da simulação, sendo:

- Método: indica o método utilizado para obter os dados, podendo ser HDR, RHDSA ou RHDCA;
- Estratégia: especifica a estratégia utilizada pelo método, podendo ser Aleatório, *Hawk*, *Dove*, TFT25, TFT50, TFT75 ou Misto;
- Recombinação: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de recombinação, podendo ser as probabilidades 0.5, 0.6, 0.7 ou 0.8;
- Mutação: especifica a probabilidade de ocorrer a operação de mutação, com as probabilidades 0.01, 0.005 ou 0.001;
- Jogo: especifica os valores utilizados nos parâmetros do jogo [recurso, custo por ferir-se], com os valores [20, 10], [10, 20] [50,25] ou [25,50].

Conforme demonstra a Tabela 5.13, com exceção do fator *Jogo* todos os demais fatores influenciam nos resultados fornecidos pela variável *Geração*, ou seja, a geração em que a melhor resposta será encontrada é influenciada pelos níveis destes fatores.

Mas apenas dois fatores influenciam na dispersão dos valores encontrados: a estratégia utilizada pelo método e a probabilidade de mutação. Os demais fatores não apresentaram evidências significativas de afetarem na dispersão dos valores.

Tabela 5.14 – Análise de variância para a variável Distância

Fator	Média		Desvio Padrão	
	F	p-level	F	p-level
Método	890,540	0,0000	512,409	0,0000
Estratégia	56,185	0,0000	23,137	0,0000
Recombinação	24,055	0,0000	17,178	0,0000
Mutação	5.831,179	0,0000	1.208,135	0,0000
Jogo[V, C]	4,606	0,0033	0,560	0,6416

Para a variável *Distância* todos os fatores apresentaram evidências significativas de influência, ou seja, a resposta é influenciada por todos os fatores analisados, conforme a Tabela 5.14. Quanto a dispersão dos dados, apenas o fator *Jogo* não mostrou evidências significativas.

A análise de variância comprova que os níveis dos fatores utilizados influenciam os resultados encontrados, bastando agora encontrar quais os níveis desses fatores que minimizam os resultados, aumentando o desempenho do Algoritmo Genético utilizado nestas simulações.

Para descobrir os níveis dos fatores são utilizados os valores médios encontrados pela variável *Distância*, uma vez que possui todos os fatores significativos. Mas os resultados são similares caso se utilize outro parâmetro. Os gráficos dos demais parâmetros se encontram no Anexo G.

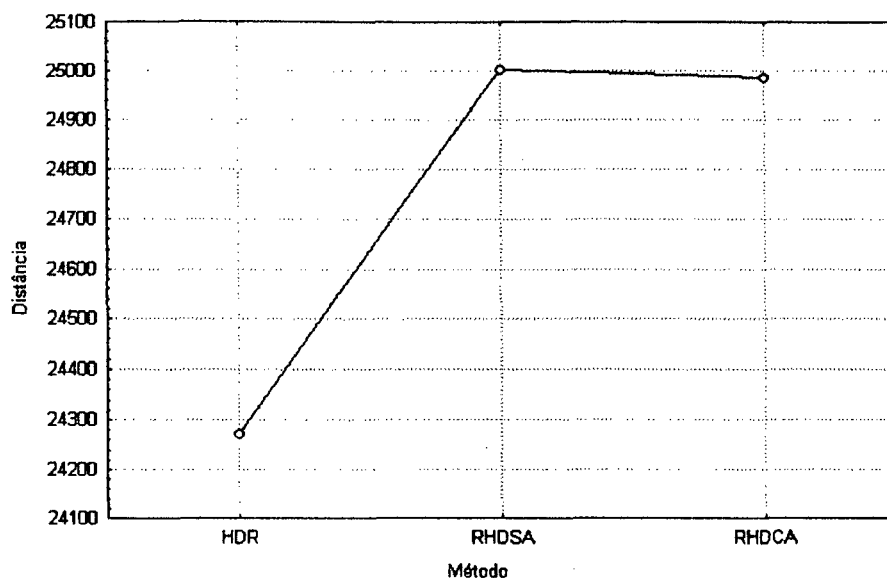


Figura 5.6 – Análise do fator Método para a média da Distância

Conforme a Figura 5.6 o método HDR produz os melhores resultados, a mesma conclusão da análise descritiva realizada na seção anterior. Os métodos RHDSA e RHDCA apresentaram resultados muito semelhantes, o que já havia sido apresentado pelos teste de hipóteses.

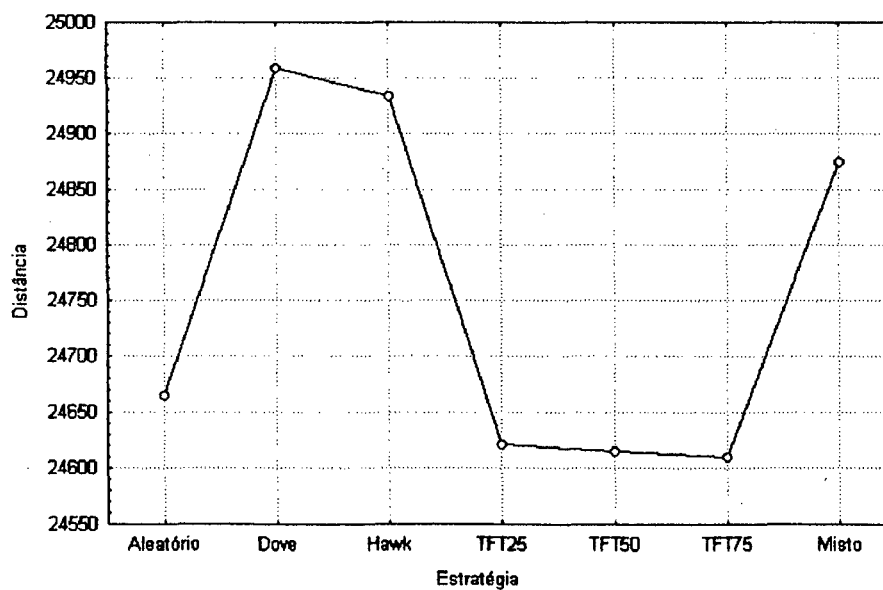


Figura 5.7 – Análise do fator Estratégia para a média da Distância

A estratégia que apresenta os melhores resultados é a estratégia TIT FOR TAT, com uma melhora pouco significativa conforme se aumenta o número de cromossomos utilizando tal estratégia. A estratégia *Hawk* e a estratégia *Dove* apresentaram o pior desempenho, indicando que a utilização de um comportamento fixo não é aconselhável, conforme demonstra a Figura 5.7.

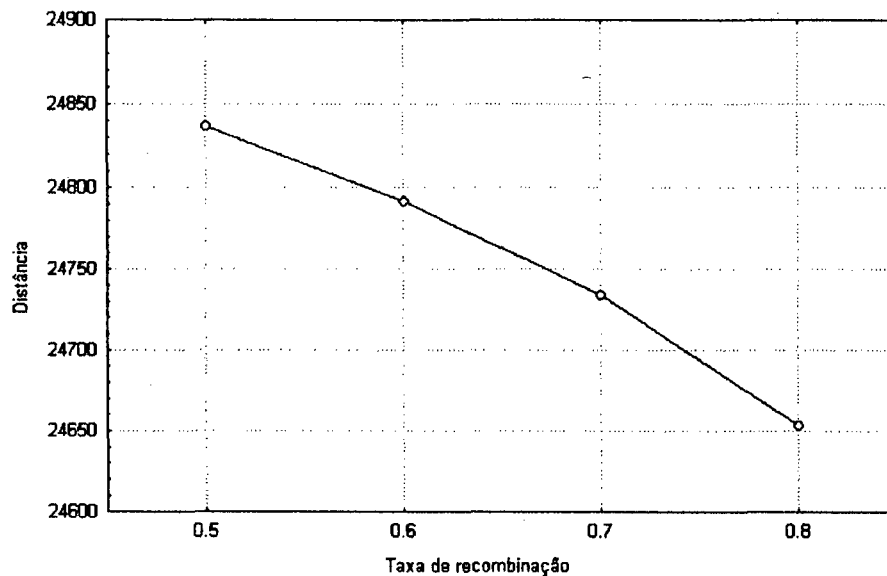


Figura 5.8 – Análise do fator Recombinação para a média da Distância

Conforme demonstra a Figura 5.8, dentre as taxas de recombinação analisadas, quanto maior a taxa melhor é a resposta encontrada. A diferença de se utilizar uma probabilidade de recombinação de 80% em vez de 50% pode significar uma melhora na resposta de quase 200 Km.

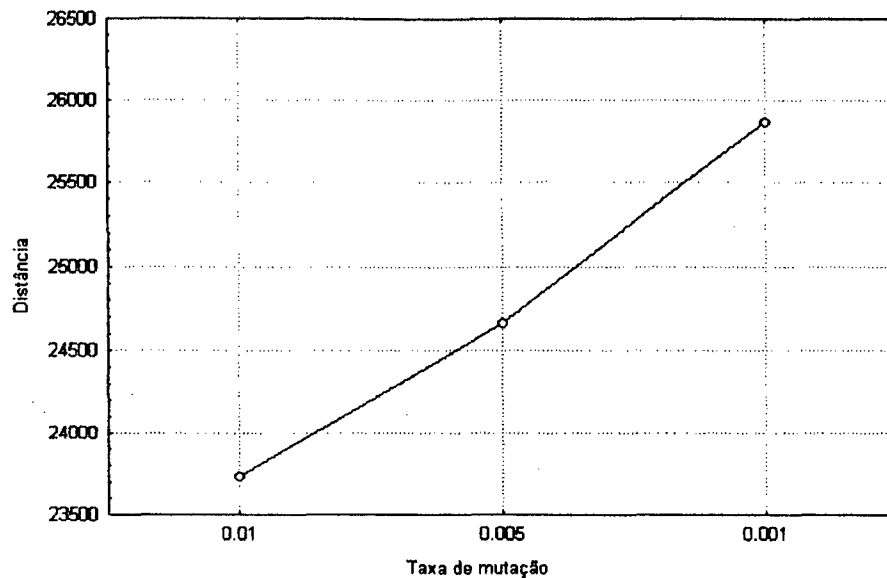


Figura 5.9 – Análise do fator Mutação para a média da Distância

A mesma conclusão pode ser feita para a taxa de mutação, conforme demonstra a Figura 5.9. Quanto maior a taxa de mutação, dentre as taxas analisadas, melhor é a resposta encontrada, podendo chegar a uma diferença no resultado final de 2.000 Km.

Para os parâmetros do jogo *Hawk-Dove*, os melhores resultados são encontrados quando o custo por se ferir (C) é maior que o valor do recurso (V), desencorajando a utilização do comportamento *Hawk* em benefício do comportamento *Dove*, e impossibilitando que o comportamento *Hawk* se torne uma ESS, conforme foi descrito na seção 3.1. Conforme apresentado na Figura 5.10, a melhor combinação para os parâmetros do jogo *Hawk-Dove* é o recurso valer 25 unidades e o preço por se ferir 50 unidades.

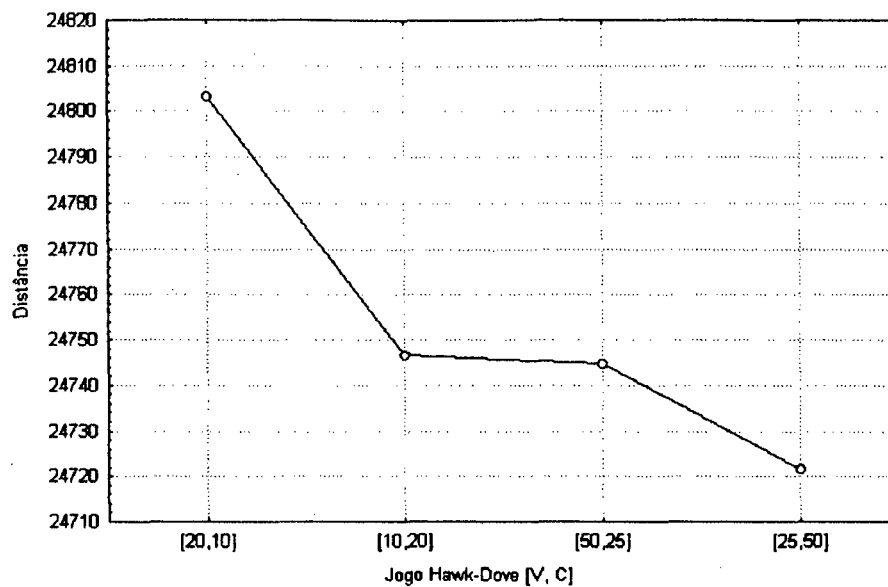


Figura 5.10 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para a média da Distância

5.7 Análise do desenvolvimento da resposta

A análise realizada até o presente momento sempre utilizou os resultados fornecidos como resposta final pelos métodos, não sendo apresentado o desenvolvimento dessas resposta durante a execução dos algoritmos.

Para realizar esta análise, um novo conjunto de dez amostras para cada método é gerado. Os fatores cujos níveis permanecerão constantes durante os ensaios são idênticos aos da simulação anterior. Para os fatores com múltiplos níveis é utilizado o nível apontado na análise de variância como sendo o nível que produz os melhores resultados.

Para a análise dos métodos se utilizou a amostra que apresentou a menor distância, para evitar tendenciosidade nos resultados apresentados. No Anexo H se encontra a análise descritiva dos dados utilizados nessa análise.

As medidas utilizadas para realizar a análise são a menor distância e a mediana das distâncias apresentadas na geração corrente, de modo a verificar a convergência do algoritmo. Não se utilizou a adaptabilidade dos cromossomos nessa análise porque a adaptabilidade utilizada não possui uma escala global, ou seja, a escala utilizada muda de geração para geração.

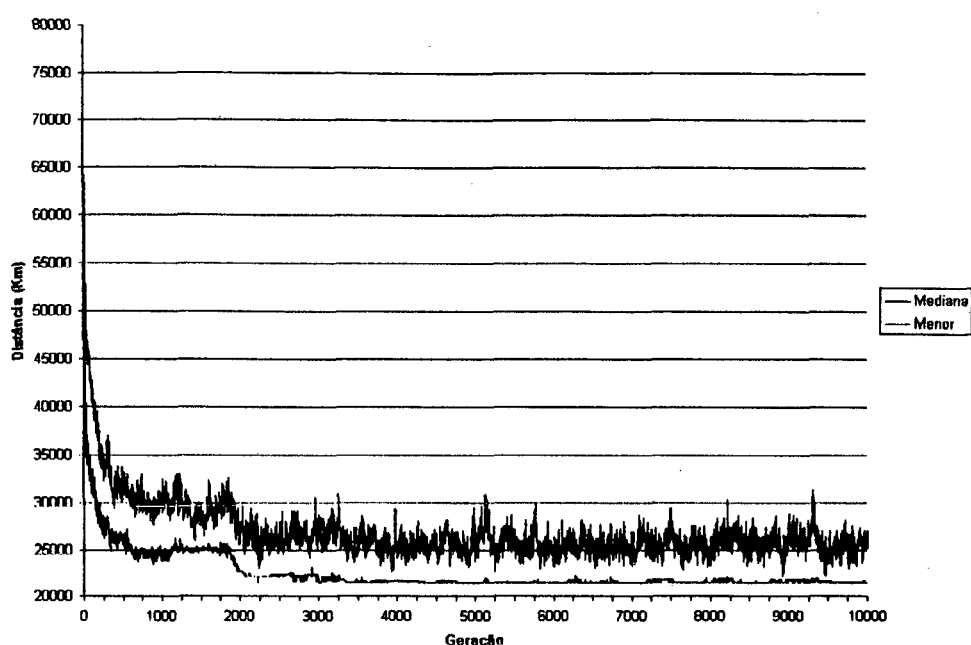


Figura 5.11 – Desenvolvimento do método Tradicional

Conforme demonstra a Figura 5.11 o método Tradicional apresenta uma diferença significativa entre a menor distância da população e a mediana das distâncias em cada geração, e com a mediana possuindo uma amplitude significativa.

O método HDR utilizando a estratégia TFT25 também apresenta uma diferença significativa entre a mediana das distâncias e a menor distância encontrada na população em cada geração, mas a amplitude da mediana é menor que a apresentada no método Tradicional, conforme exibe a Figura 5.12.

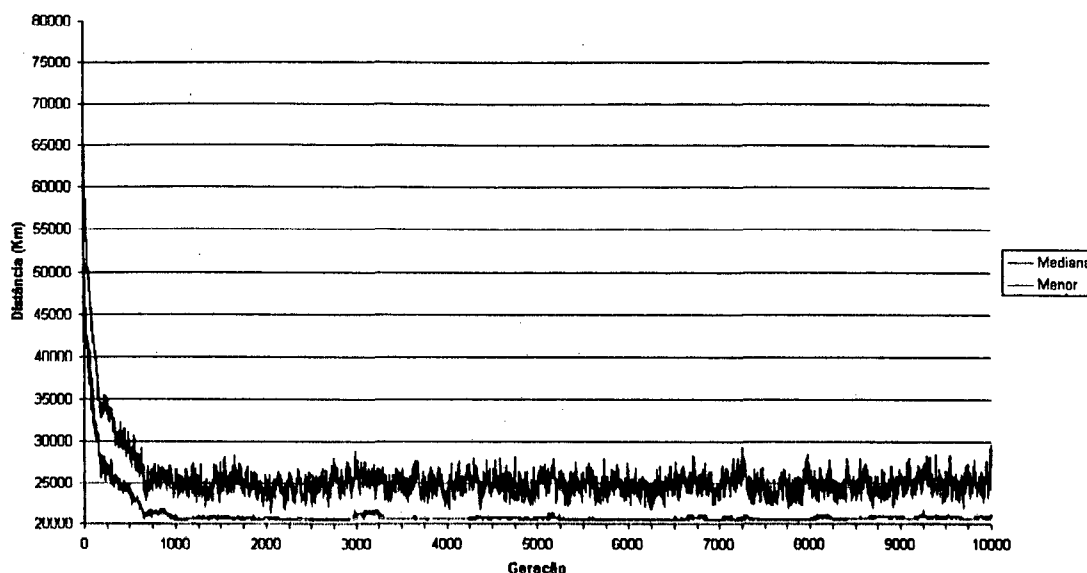


Figura 5.12 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT25

Já o método RHDSA utilizando a estratégia TFT50 não apresenta uma diferença significativa entre as duas medidas utilizadas, pois a menor distância é a base da mediana, mas a mediana possui uma grande amplitude, conforme demonstrado na Figura 5.13.

No método RHDCA utilizando a estratégia Aleatório a mediana das distâncias se mescla com a menor distância da população, indicando a convergência prematura da população num valor, demonstrado na Figura 5.14. O desenvolvimento dos métodos utilizando as outras estratégias se encontra no Anexo I.

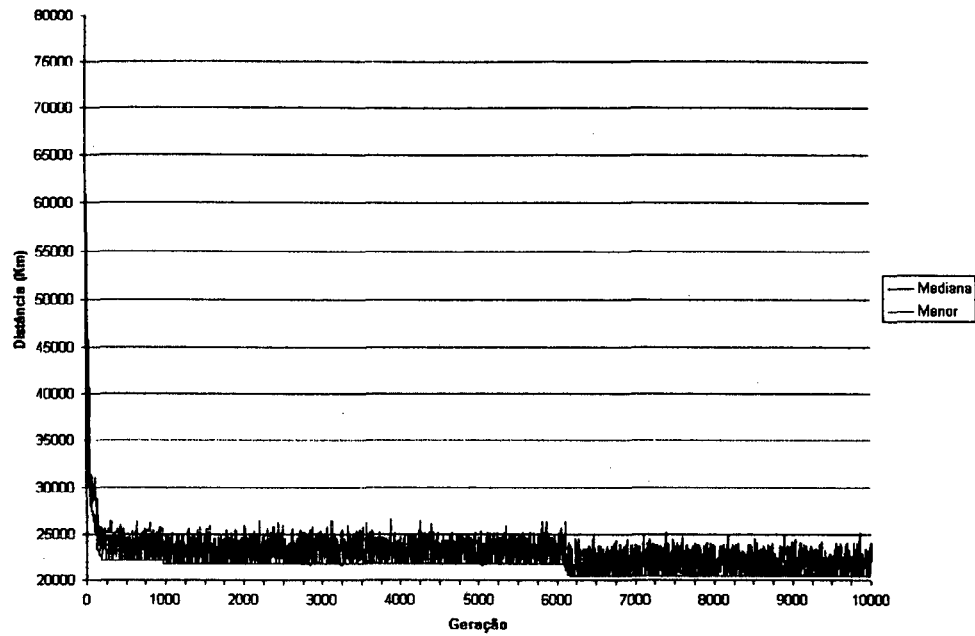


Figura 5.13 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT50

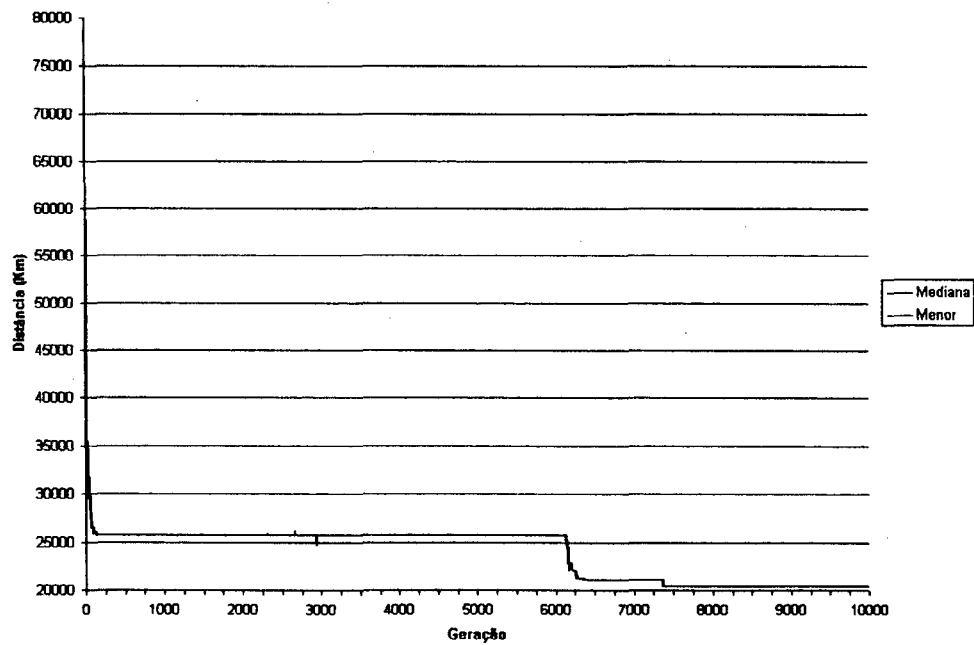


Figura 5.14 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Aleatório

5.8 Simulações diversas

Toda a simulação realizada até o momento utilizou o mesmo problema e as mesmas restrições, de modo diminuir a influência dos fatores aleatórios sobre os resultados encontrados. Com o intuito de analisar o desempenho dos métodos em outras situações, algumas simulações extras são realizadas.

Uma dúvida que ficou na simulação anterior é se o ponto de mínimo local encontrado por todos os métodos, em pelo menos uma amostra, não estava sendo influenciado pela população inicial fixa ou pela cidade de partida fixa utilizada na simulação.

A fim de analisar essa característica dois novos conjuntos de amostras são gerados, uma com a população inicial aleatória e a cidade de partida fixa (Brasília), e outro conjunto com a população inicial aleatória e a cidade de partida aleatória.

Os métodos utilizados para gerar os conjuntos de amostras são o método Tradicional e o método HDR utilizando a estratégia TFT25, com os seguintes níveis para os fatores:

- População: 200;
- Geração: 10.000;
- Disputas: 5.000;
- Crossover: 0.5, 0.6, 0.7 ou 0.8;
- Mutação: 0.01, 0.005 ou 0.001;
- Recurso e Ferir-se [V, C]: [25, 50].

Para cada método existe 12 tratamentos a serem ensaiados, sendo as combinações específicas dos níveis dos fatores analisados. De modo a minimizar os efeitos aleatórios são realizados 100 ensaios para cada tratamento, formando uma base de dados com 1.200 amostras para cada método.

Tabela 5.15 – Análise descritiva da variável Geração utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida fixa

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	1.200	5.337,666	2.899,820	174	9.997
HDR TFT25	1.200	5.401,063	2.949,210	285	9.995

Tabela 5.16 – Análise descritiva da variável Distância utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida fixa

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	1.200	24.218,83	2.194,849	20.409	32.780
HDR TFT25	1.200	23.948,10	2.199,622	20.409	32.836

No caso da simulação com a população inicial aleatória e a cidade de partida fixa, os dois métodos encontram o mesmo ponto de mínimo local já encontrado anteriormente, conforme demonstra a Tabela 5.16. O método HDR TFT25 obteve um desempenho melhor do que o método Tradicional no quesito Distância, encontrando em médias as menores distâncias, mas em média precisou de mais gerações do que o método Tradicional, conforme a Tabela 5.15.

Tabela 5.17 – Análise descritiva da variável Geração utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida aleatória

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	1.200	5.466,139	2.833,125	91	9.999
HDR TFT25	1.200	5.492,272	2.834,810	346	9.997

Tabela 5.18 – Análise descritiva da variável Distância utilizando uma população inicial aleatória e a cidade de partida aleatória

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	1.200	24.219,65	2.241,982	20.409	31.775
HDR TFT25	1.200	24.091,05	2.283,757	20.409	34.195

Na simulação realizada com a população inicial e a cidade de partida aleatórias, os resultados se comportam de forma idêntica ao da simulação anterior, conforme apresentado pelas Tabelas 5.17 e 5.18. Novamente os métodos não conseguiram encontrar uma resposta melhor do que o ponto de mínimo local já localizado anteriormente.

6 CONCLUSÃO

Diversos autores propõem a utilização de Algoritmos Genéticos dentro da Teoria dos Jogos, como um mecanismo para desenvolver novas estratégias para os competidores envolvidos em determinados jogos. Os AG são empregados para evoluírem estratégias mais eficientes, de modo a aumentar o ganho do participante no jogo.

Mas a utilização da Teoria dos Jogos na tentativa de melhorar o desempenho dos Algoritmos Genéticos ainda é uma novidade, estando as pesquisas numa fase preliminar.

Na Natureza, os seres vivos estão em eterna competição, seja entre indivíduos da mesma espécie ou entre indivíduos de espécies diferentes, em busca de uma melhor adaptabilidade. Para o indivíduo ganhar a disputa contra um oponente, sua estratégia deve ser melhor que a do seu adversário.

A adaptabilidade de um determinado indivíduo não depende exclusivamente de suas características genéticas, mas depende também do seu desempenho nas diversas competições no qual se envolverá durante sua existência.

Os Algoritmos Genéticos se inspiram no processo de evolução biológica, mas a grande maioria das implementações de AG considera a adaptabilidade do indivíduo como um reflexo direto de suas características genéticas, sem levar em consideração a interação entre os indivíduos.

O presente trabalho apresentou propostas no qual a interação entre os indivíduos também influenciam na sua adaptabilidade. A interação ocorre através da disputa do jogo *Hawk-Dove* pelos cromossomos, onde eles tem a chance de melhorarem suas aptidões, deixando de serem avaliados apenas pelo desempenho de seus genótipos, mas também pelo desempenho de seus fenótipos.

Dessa forma indivíduos fracos geneticamente, que no modo tradicional possuem uma baixa probabilidade de serem escolhidos como reprodutores, ganham uma chance de melhorarem suas aptidões frente aos outros cromossomos, utilizando critérios racionais para aumentar sua adaptabilidade.

Da mesma forma indivíduos fortes geneticamente possuem a oportunidade de se tornarem mais aptos ainda, deixando seu material genético para um número maior de descendentes.

Para avaliar a suscetibilidade da proposta, os métodos propostos são comparados com o método tradicional, utilizando uma base de dados com mais de 100.000 amostras. A base de dados foi obtida utilizando os métodos para resolverem o problema do caixeiro viajante, com uma instância de 26 cidades.

O problema do caixeiro viajante foi o escolhido, como plataforma de teste, para avaliar o desempenho dos métodos porque é um problema de fácil modelagem e difícil de ser resolvido satisfatoriamente.

A instância utilizada pelo problema deveria representar alguma informação válida, sendo por esse motivo escolhido as distâncias entre as capitais dos estados brasileiros, em vez de números escolhidos aleatoriamente sem significado nenhum.

O número de cidades utilizado proporciona uma superfície de busca grande o suficiente para ser impraticável a busca do melhor resultado possível, através da busca exaustiva, mas ao mesmo tempo facilita o emprego dos operadores genéticos, de modo que todos os cromossomos sempre respeitem as restrições do problema.

Os métodos propostos não estão restritos exclusivamente ao problema do caixeiro viajante, podendo ser aplicados em outros problemas. No presente trabalho se limitou a trabalhar apenas com um problema devido ao grande número de amostras. Caso o número de amostras fosse reduzido, os efeitos aleatórios pertinentes aos AG poderiam exercer uma influência muito forte sobre os resultados dos métodos.

Com base nos resultados alcançados e divulgados no trabalho, a proposta aumenta a qualidade das respostas encontradas em relação ao método puro, que se baseia em critérios predominantemente aleatórios.

Dentre os métodos propostos, o método HDR obteve o melhor desempenho, encontrando, em média, os melhores resultados no mesmo intervalo de tempo que o método Tradicional.

Os demais métodos propostos encontraram, em média, resultados menos satisfatórios que o método Tradicional, mas em compensação necessitam da metade do tempo gasto pelo método Tradicional.

Dentre as diversas estratégias empregadas, a estratégia TIT FOR TAT é a que melhor contribui no desempenho dos métodos, seguido pela estratégia Aleatória. As estratégias com comportamento fixo, como a estratégia *Hawk* e a estratégia *Dove*, obtiveram os piores resultados.

O presente trabalho aborda a utilização da Teoria dos Jogos exclusivamente na operação de seleção utilizada pelos AG, mas tais conceitos podem ser estendidos a outros operadores, e inclusive na criação de novos operadores que poderiam substituir os operadores tradicionais, como a seleção, recombinação e mutação.

A idéia apresentada pode ser aplicada aos outros ramos da Computação Evolucionária, não estando necessariamente restritos aos Algoritmos Genéticos. Onde existe uma competição entre dois indivíduos por um determinado recurso, neste caso, por uma maior adaptabilidade, tais conceitos podem ser aplicados.

Novas estratégias podem ser disponibilizadas para os competidores, e outras maneiras dessas estratégias serem passadas para seus descendentes devem ser avaliadas, de modo a se verificar o quanto a estratégia utilizada pelo competidor afeta no resultado final.

Uma característica interessante de ser avaliada seria o papel do aprendizado, ou seja, disponibilizar aos cromossomos a capacidade de aprenderem durante as partidas, aproveitando as melhores características de seus adversários.

Conforme pode ser observado, o presente trabalho esboçou apenas uma pequena parte do que pode ser realizado com a junção da Teoria dos Jogos em Algoritmos Genéticos, indicando pelos resultados apresentados, que existe algum benefício nessa união.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AXELROD, Robert. (1990). *The Evolution of Cooperation*. London: Penguin Books.
- BÄCK, Thomas; KHURI, Sami; HEIKÖTTER, Jörg. (1994b). "An Evolutionary Approach to Combinatorial Optimization Problems." In *Proceedings of the 1994 Computer Science Conference*, 66-73, Phoenix AZ: ACM Press.
- BARRETO, Jorge Muniz. (1999). *Inteligência Artificial no Limiar do Século XXI*, 2ª ed. revista e ampliada. Florianópolis: Duplic.
- BEASLEY, David; BULL, David R.; MARTIN, Ralph R. (1993). "An Overview of Genetic Algorithms: Part 1, Fundamentals." In *University Computing* 15 (2), 58-69.
- BEASLEY, David; BULL, David R.; MARTIN, Ralph R. (1993b). "An Overview of Genetic Algorithms: Part 2, Research Topics." In *University Computing* 15(4), 170-181.
- BURIOL, Luciana S. (2000). *Algoritmo Memético para o Problema do Caixeiro Viajante Assimétrico como Parte de um Framework para Algoritmos Evolutivos*. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual de Campinas, Departamento de Engenharia de Sistemas, Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação, UNICAMP, Campinas, São Paulo.
- CASTI, John L. (1995). "Cooperation: The Ghost in the Machinery of Evolution." In John L. Casti e Anders Karlqvist (eds.), *Cooperation and Conflict in General Evolutionary Processes*, 63-88, John Wiley & Sons, Inc.
- COELLO, Carlos A. Coello. (1995). "Introducción a los Algoritmos Genéticos." In *Soluciones Avanzadas. Tecnologías de Información y Estrategias de Negocios* 3(17), 5-11.
- COELLO, Carlos A. Coello et. al. (1998). "Estrategias Evolutivas: La Versión Alemana del Algoritmo Genético (Parte I)." In *Soluciones Avanzadas. Tecnologías de Información y Estrategias de Negocios* 6(62), 38-45.
- DNER. (2000). *Departamento Nacional de Estradas de Rodagem*. <http://www.dner.gov.br> (07/02/2000).
- GOLDBERG, David E. (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*. Addison-Wesley Publishing Company, Inc.

- HELIER, Frederick S. (1988). *Introdução à Pesquisa Operacional*. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 3ª Ed., 296-316. Tradução: Helena L. Lemos. Rio de Janeiro: Editora Campus.
- KAHNEMAN, Daniel; TVERSKY, Amos. (1979). "Prospect Theory: An Analysis of Decision Under Risk." *Econometrica* 47(2), 263-291.
- KHURI, Sami; SCHÜTZ, Martin; HEITKÖTTER, Jörg. (1995). "Evolutionary Heuristics for the Bin Packing Problem." In *Proceedings of ICANNGA '95 Int'l Conference on Artificial NNs and GAs*, France: Ecole des Mines d'Ales.
- KOZA, John R. (1990). "Genetically breeding populations of computer programs to solve problems in artificial intelligence." In *Proceedings of the Second International Conference on Tools for AI*, 819-827. Los Alamitos, CA: IEEE Computer Society Press.
- MANDISCHER, Martin. (1993). "Representation and Evolution of Neural Networks." In R. F. Albrecht et. al. (eds.), *Artificial Neural Nets and Genetic Algorithm Proceedings of the International Conference at Innsbruck*, 643-649.
- MANGANO, Salvatore R. (1996). "A Genetic Algorithm White Paper. An Introduction to Genetic Algorithm Implementation, Theory, Application, History and Future Potencial." In *Man Machine Interfaces*, Inc. <http://www.lania.mx/~ccoello/white.ps.gz> (11/04/2000).
- MITCHELL, Melanie; FORREST, Stephanie. (1993). "What Makes a Problem Hard for a Genetic Algorithm? Some Anomalous Results and Their Explanation." *Machine Learning* 13, 285-319.
- MITCHELL, Melanie; FORREST, Stephanie. (1994). "Genetic Algorithms and Artificial Life." In *Artificial Life* 1 (3), 267-289.
- MITCHELL, Melanie. (1996). *An Introduction to Genetic Algorithms*. Cambridge: MIT Press.
- MITCHELL, Melanie. (1996b). "Computation in Cellular Automata: A Selected Review." In H. G. Schuster, T. Gramms (eds.), *Nonstandard Computation*. Weinheim: VCH Verlagsgesellschaft.
- MITCHELL, Melanie; TAYLOR, Charles E. (1999). "Evolutionary Computation: An Overview." In *Annual Review of Ecology and Systematics* 20, 593-616.

- PALMER, Charles C.; KERSHENBAUM, Aaron. (1994). "Representing Trees in Genetic Algorithms." In *WCCI*. <ftp://alife.santafe.edu/pub/USER-AREA/EC/GA/papers/trees94.ps.gz> (29/04/2000).
- RICH, Elaine; KNIGHT, Kevin. (1993). *Inteligência Artificial*, 2^a ed. São Paulo: Makron Books.
- SMITH, John Maynard. (1993). *Evolution and the Theory of Games*. Cambridge: Cambridge University Press.
- YAZDANI, Masoud. (1986). *Artificial Intelligence: Principles and Applications*. Chapman and Hall Computing, 218-220.
- WEIBULL, Jörgen W. (1996). *Evolutionary Game Theory*, 1-10, Cambridge: MIT Press.
- WEST, Douglas Brent. (1996). *Introduction to Graph Theory*. Upper Saddle River: Prentice Hall, Inc.
- WHITLEY, Darrell. (1994). "A Genetic Algorithm Tutorial." In *Statistics and Computing* 4, 65-85.

ANEXO A

Tabela A.1 – Distâncias entre as capitais dos estados brasileiros

	Aracaju	Belém	Belo Horizonte	Boa Vista	Brasília	Campo Grande	Cuiabá	Curitiba	Florianópolis	Fortaleza
Aracaju	0	2.079	1.578	6.000	1.652	2.764	2.773	2.595	2.892	1.183
Belém	2.079	0	2.824	6.083	2.120	2.942	2.941	3.193	3.500	1.611
Belo Horizonte	1.578	2.824	0	4.736	716	1.453	1.594	1.004	1.301	2.528
Boa Vista	6.000	6.083	4.736	0	4.275	3.836	3.142	4.821	5.128	6.548
Brasília	1.652	2.120	716	4.275	0	1.134	1.133	1.366	1.673	2.208
Campo Grande	2.764	2.942	1.453	3.836	1.134	0	694	991	1.298	3.407
Cuiabá	2.773	2.941	1.594	3.142	1.133	694	0	1.679	1.986	3.406
Curitiba	2.595	3.193	1.004	4.821	1.366	991	1.679	0	300	3.541
Florianópolis	2.892	3.500	1.301	5.128	1.673	1.298	1.986	300	0	3.838
Fortaleza	1.183	1.611	2.528	6.548	2.208	3.407	3.406	3.541	3.838	0
Goiânia	1.849	2.017	906	4.076	209	935	934	1.186	1.493	2.482
João Pessoa	611	2.161	2.171	6.539	2.245	3.357	3.366	3.188	3.485	688
Maceió	294	2.173	1.854	6.276	1.928	3.040	3.049	2.871	3.168	1.075
Manaus	5.215	5.298	3.951	785	3.490	3.051	2.357	4.036	4.343	5.763
Natal	788	2.108	2.348	6.770	2.422	3.534	3.543	3.365	3.662	537
Palmas	1.662	1.283	1.690	4.926	973	1.785	1.784	2.036	2.336	2.035
Porto Alegre	3.296	3.852	1.712	5.348	2.027	1.518	2.206	711	476	4.242
Porto Velho	4.229	4.397	3.050	1.686	2.589	2.150	1.456	3.135	3.442	4.862
Recife	501	2.074	2.061	6.483	2.220	3.247	3.255	3.078	3.375	800
Rio Branco	4.763	4.931	3.584	2.230	3.123	2.684	1.990	3.669	3.976	5.396
Rio de Janeiro	1.855	3.250	434	5.159	1.148	1.444	2.017	852	1.144	2.805
Salvador	356	2.100	1.372	5.749	1.446	2.568	2.567	2.385	2.682	1.389
São Luís	1.578	806	2.738	6.120	2.157	2.979	2.978	3.230	3.537	1.070
São Paulo	2.187	2.933	586	4.756	1.015	1.014	1.614	408	705	3.127
Teresina	1.142	947	2.302	6.052	1.789	2.911	2.910	3.143	3.450	634
Vitória	1.408	3.108	524	5.261	1.238	1.892	2.119	1.300	1.597	2.397

Tabela A.1 – Distâncias entre as capitais dos estados brasileiros (continuação)

	Goiânia	João Pessoa	Maceió	Manaus	Natal	Palmas	Porto Alegre	Porto Velho	Recife	Rio Branco
Aracaju	1.849	611	294	5.215	788	1.662	3.296	4.229	501	4.763
Belém	2.017	2.161	2.173	5.298	2.108	1.283	3.852	4.397	2.074	4.931
Belo Horizonte	906	2.171	1.854	3.951	2.348	1.690	1.712	3.050	2.061	3.584
Boa Vista	4.076	6.539	6.276	785	6.770	4.926	5.348	1.686	6.483	2.230
Brasília	209	2.245	1.928	3.490	2.422	973	2.027	2.589	2.220	3.123
Campo Grande	935	3.357	3.040	3.051	3.534	1.785	1.518	2.150	3.247	2.684
Cuiabá	934	3.366	3.049	2.357	3.543	1.784	2.206	1.456	3.255	1.990
Curitiba	1.186	3.188	2.871	4.036	3.365	2.036	711	3.135	3.078	3.669
Florianópolis	1.493	3.485	3.168	4.343	3.662	2.336	476	3.442	3.375	3.976
Fortaleza	2.482	688	1.075	5.763	537	2.035	4.242	4.862	800	5.396
Goiânia	0	2.442	2.125	3.291	2.618	874	1.847	2.390	2.332	2.924
João Pessoa	2.442	0	395	5.808	185	2.253	3.889	4.822	120	5.356
Maceió	2.125	395	0	5.491	572	1.851	3.572	4.505	285	5.124
Manaus	3.291	5.808	5.491	0	5.985	4.141	4.563	901	5.698	1.445
Natal	2.618	185	572	5.985	0	2.345	4.066	4.998	297	5.533
Palmas	874	2.253	1.851	4.141	2.345	0	2.747	3.240	2.058	3.764
Porto Alegre	1.847	3.889	3.572	4.563	4.066	2.747	0	3.662	3.779	4.196
Porto Velho	2.390	4.822	4.505	901	4.998	3.240	3.662	0	4.712	544
Recife	2.332	120	285	5.698	297	2.058	3.779	4.712	0	5.243
Rio Branco	2.924	5.356	5.124	1.445	5.533	3.764	4.196	544	5.243	0
Rio de Janeiro	1.338	2.448	2.131	4.374	2.625	2.124	1.553	3.473	2.338	4.007
Salvador	1.643	949	632	5.009	1.126	1.454	3.090	4.023	839	4.457
São Luís	2.054	1.660	1.672	5.335	1.607	1.386	3.891	4.434	1.573	4.968
São Paulo	926	2.770	2.453	3.971	2.947	1.776	1.109	3.070	2.660	3.604
Teresina	1.986	1.224	1.236	5.267	1.171	1.401	3.804	4.366	1.137	4.900
Vitória	1.428	2.001	1.684	4.476	2.178	2.214	2.001	3.575	1.891	4.109

Tabela A.1 – Distâncias entre as capitais dos estados brasileiros (continuação)

	Rio de Janeiro	Salvador	São Luís	São Paulo	Teresina	Vitória
Aracaju	1.855	356	1.578	2.187	1.142	1.408
Belém	3.250	2.100	806	2.933	947	3.108
Belo Horizonte	434	1.372	2.738	586	2.302	524
Boa Vista	5.159	5.749	6.120	4.756	6.052	5.261
Brasília	1.148	1.446	2.157	1.015	1.789	1.238
Campo Grande	1.444	2.568	2.979	1.014	2.911	1.892
Cuiabá	2.017	2.567	2.978	1.614	2.910	2.119
Curitiba	852	2.385	3.230	408	3.143	1.300
Florianópolis	1.144	2.682	3.537	705	3.450	1.597
Fortaleza	2.805	1.389	1.070	3.127	634	2.397
Goiânia	1.338	1.643	2.054	926	1.986	1.428
João Pessoa	2.448	949	1.660	2.770	1.224	2.001
Maceió	2.131	632	1.672	2.453	1.236	1.684
Manaus	4.374	5.009	5.335	3.971	5.267	4.476
Natal	2.625	1.126	1.607	2.947	1.171	2.178
Palmas	2.124	1.454	1.386	1.776	1.401	2.214
Porto Alegre	1.553	3.090	3.891	1109	3.804	2.001
Porto Velho	3.473	4.023	4.434	3.070	4.366	3.575
Recife	2.338	839	1.573	2.660	1.137	1.891
Rio Branco	4.007	4.457	4.968	3.604	4.900	4.109
Rio de Janeiro	0	1.649	3.015	429	2.579	521
Salvador	1.649	0	1.599	1.962	1.163	1.202
São Luís	3.015	1.599	0	2.970	446	2.607
São Paulo	429	1.962	2.970	0	2.792	882
Teresina	2.579	1.163	446	2.792	0	2.171
Vitória	521	1.202	2.607	882	2.171	0

Fonte: DNER. Departamento Nacional de Estradas de Rodagem.

Disponível por WWW em <http://www.dner.gov.br> (07/02/2000).

ANEXO B

Tabela B.1 – Legenda das cidades

Índice	Cidade	Índice	Cidade	Índice	Cidade
0	Aracaju	1	Belém	2	Belo Horizonte
3	Boa Vista	4	Brasília	5	Campo Grande
6	Cuiabá	7	Curitiba	8	Florianópolis
9	Fortaleza	10	Goiânia	11	João Pessoa
12	Maceió	13	Manaus	14	Natal
15	Palmas	16	Porto Alegre	17	Porto Velho
18	Recife	19	Rio Branco	20	Rio de Janeiro
21	Salvador	22	São Luís	23	São Paulo
24	Teresina	25	Vitória		

Tabela B.2 – População inicial dos AG

Rota
4-16-3-25-20-11-6-13-2-24-8-19-18-17-12-9-23-14-21-10-7-15-5-1-0-22-4
4-3-9-14-16-25-0-22-19-24-21-17-18-20-15-12-7-8-10-23-6-11-5-2-13-1-4
4-19-21-24-10-22-23-0-7-15-20-18-5-16-14-2-13-12-17-9-25-8-3-6-1-11-4
4-20-18-10-11-3-24-25-19-9-15-16-8-14-13-0-22-12-7-6-17-5-21-2-23-1-4
4-15-22-2-18-19-16-1-23-24-13-21-20-17-10-14-12-9-25-11-8-7-6-5-3-0-4
4-23-19-11-3-9-15-25-7-24-14-17-20-16-22-6-13-21-12-5-1-0-10-18-2-8-4
4-19-20-8-2-25-24-3-5-9-22-17-12-21-23-16-15-14-13-18-7-11-10-6-1-0-4
4-23-22-11-3-9-15-25-8-24-14-17-20-16-19-6-13-21-12-5-1-0-10-18-2-7-4
4-19-20-8-7-25-24-3-5-9-22-17-12-21-23-16-15-14-13-18-2-11-10-6-1-0-4
4-22-12-25-3-23-7-1-20-21-18-17-14-10-15-8-5-24-6-19-0-13-2-16-9-11-4
4-22-3-14-19-24-17-12-9-23-25-5-21-15-2-16-20-11-10-7-1-8-6-0-13-18-4
4-6-24-22-17-9-20-23-21-1-19-18-7-14-13-15-12-8-5-25-3-2-11-10-16-0-4
4-25-14-6-21-7-22-5-18-10-11-24-20-2-9-16-13-15-0-12-3-8-19-23-1-17-4
4-25-9-8-5-2-11-15-6-21-3-24-1-23-22-20-19-17-16-12-14-7-10-18-13-0-4
4-1-3-8-17-9-15-7-5-24-18-10-0-23-22-21-20-19-16-12-6-2-14-13-25-11-4
4-24-25-6-0-22-21-20-18-13-17-12-19-16-3-14-9-23-15-7-11-10-8-5-2-1-4
4-7-9-25-2-6-15-20-24-3-23-18-21-16-0-1-11-22-17-5-19-14-13-12-10-8-4
4-6-14-0-3-9-10-25-13-24-23-8-2-22-19-20-21-5-16-12-18-11-15-17-7-1-4
4-18-23-1-7-12-5-25-10-21-11-22-17-20-15-16-14-8-6-9-3-2-13-0-24-19-4
4-21-25-0-23-22-3-5-15-16-20-24-17-19-14-13-11-10-18-9-8-6-2-12-1-7-4
4-17-22-10-20-13-24-25-14-9-12-23-5-3-8-19-18-1-6-11-16-15-21-7-2-0-4
4-18-1-13-23-15-21-7-17-14-19-3-9-12-20-24-16-10-22-25-11-8-0-6-5-2-4
4-16-18-9-17-24-12-25-23-22-21-11-3-8-13-20-15-14-10-5-7-6-2-1-0-19-4
4-19-3-25-21-1-2-20-18-24-17-12-23-7-9-16-14-13-11-10-15-8-6-5-0-22-4
4-3-9-14-16-25-20-22-19-24-21-17-18-0-15-12-7-8-10-23-6-11-5-2-13-1-4
4-19-21-24-10-22-23-0-14-15-20-18-5-16-7-2-13-12-17-9-25-8-3-6-1-11-4
4-20-18-10-11-3-24-5-19-9-15-16-8-14-13-0-22-12-7-6-17-25-21-2-23-1-4
4-15-22-2-18-19-16-1-23-24-13-0-20-17-10-14-12-9-25-11-8-7-6-5-3-21-4
4-23-3-11-19-9-15-8-7-24-14-17-20-16-22-6-13-21-12-5-1-0-10-18-2-25-4
4-19-20-8-2-25-24-3-5-9-22-17-12-21-23-16-15-14-13-18-7-11-10-6-1-0-4
4-22-25-12-3-23-11-7-20-21-1-17-14-10-15-8-5-24-18-19-0-13-2-16-9-6-4
4-22-9-14-19-24-17-12-25-23-3-5-21-15-18-16-20-11-10-2-1-8-6-0-13-7-4
4-0-1-6-25-22-5-20-24-19-11-17-9-16-23-21-15-12-3-7-10-18-8-13-2-14-4
4-25-11-6-21-7-5-22-18-10-17-24-20-2-14-16-13-15-0-12-3-8-19-23-1-9-4
4-25-14-8-0-2-11-15-6-21-3-24-1-23-22-20-19-17-16-18-9-7-10-5-13-12-4
4-1-11-25-9-17-15-7-5-8-18-10-0-23-22-21-20-19-16-12-6-2-14-13-24-3-4
4-3-9-14-16-25-0-22-19-8-21-17-18-20-15-12-7-24-10-23-6-11-5-2-13-1-4

Tabela B.2 – População inicial dos AG (continuação)

Rota
4-19-21-24-10-22-23-0-7-3-20-18-5-16-14-2-13-12-17-9-25-8-15-6-1-11-4
4-20-18-10-11-3-24-25-17-9-15-16-8-14-13-0-22-12-7-6-19-5-21-2-23-1-4
4-15-0-2-18-19-16-1-23-24-13-21-20-17-10-14-12-9-25-11-8-7-6-5-3-22-4
4-23-24-8-3-9-15-25-7-19-14-17-20-16-22-6-13-21-12-5-1-0-10-18-2-11-4
4-19-20-1-2-25-24-3-5-9-22-17-12-21-23-16-15-14-13-18-7-11-10-6-8-0-4
4-22-1-12-7-23-3-11-20-21-18-17-14-10-15-8-5-24-6-19-0-13-2-16-9-25-4
4-22-2-14-19-24-17-12-9-3-23-5-21-15-18-16-20-11-10-7-1-8-6-0-13-25-4
4-6-24-20-17-22-9-23-21-0-19-18-7-14-13-15-1-8-5-25-3-2-11-10-16-12-4
4-0-14-17-25-22-5-20-1-11-19-6-9-16-23-21-15-12-3-7-10-18-8-13-2-24-4
4-25-9-6-21-18-22-5-7-10-17-24-11-2-14-16-13-15-0-12-3-8-19-23-1-20-4
4-17-24-9-23-3-11-21-22-19-25-0-18-16-14-7-13-12-10-15-8-20-6-5-2-1-4
4-0-17-11-12-25-13-24-23-7-3-21-19-9-22-16-20-18-5-6-15-14-10-8-2-1-4
4-11-18-23-24-10-14-3-1-13-8-9-0-22-21-20-17-15-19-12-25-7-6-16-5-2-4
4-23-2-10-7-12-24-18-13-20-1-17-16-21-11-8-15-19-9-6-22-5-3-25-14-0-4
4-6-25-13-3-24-17-14-23-7-21-1-12-2-11-5-20-19-10-22-18-15-16-9-8-0-4
4-16-12-22-7-10-5-3-24-19-21-13-20-25-6-17-14-15-11-18-23-9-8-2-1-0-4
4-14-19-22-24-7-21-0-23-18-1-20-17-25-15-12-10-9-8-11-3-6-5-13-2-16-4
4-24-7-11-23-3-5-22-20-18-10-17-21-19-12-0-6-16-15-9-8-25-14-2-1-13-4
4-8-17-5-3-23-22-19-18-21-20-15-14-11-13-11-12-7-6-0-25-1-16-24-2-9-4
4-15-19-5-23-17-24-25-6-11-21-16-22-14-7-9-20-8-13-12-10-3-2-18-0-1-4
4-15-10-25-7-5-22-21-3-18-16-23-14-17-12-20-11-8-19-6-9-2-1-13-0-24-4
4-15-21-12-0-1-23-22-17-24-25-20-18-19-11-16-14-5-13-9-8-10-6-3-7-2-4
4-8-12-24-21-19-10-23-22-15-20-6-17-25-11-16-18-5-13-14-9-7-3-2-1-0-4
4-12-16-3-22-8-18-17-19-24-13-11-15-23-9-2-21-1-25-6-14-7-5-10-0-20-4
4-9-1-2-24-3-25-22-11-19-18-10-15-12-23-21-0-17-16-5-8-13-14-7-20-6-4
4-24-10-8-9-22-20-12-13-18-3-21-19-16-7-15-11-14-17-0-25-6-5-23-2-1-4
4-6-22-5-23-7-19-20-24-17-12-21-25-15-16-9-14-11-3-2-10-13-18-8-1-0-4
4-20-22-5-23-1-24-6-12-18-21-8-19-0-17-11-16-15-14-13-10-9-3-25-7-2-4
4-25-22-18-10-5-11-6-23-24-1-20-19-2-17-16-13-12-21-9-15-8-7-14-3-0-4
4-23-2-24-9-6-21-19-15-8-13-18-3-0-10-25-7-22-17-16-14-12-11-5-1-20-4
4-16-3-20-11-19-22-23-0-10-17-14-6-15-13-12-8-24-2-25-5-9-7-21-18-1-4
4-23-13-12-11-25-9-10-19-22-8-16-24-5-2-7-21-18-17-15-3-20-0-14-6-1-4
4-14-5-0-25-12-19-9-20-8-24-2-23-1-16-3-15-22-6-17-11-21-10-7-18-13-4
4-19-24-16-9-3-22-7-12-25-2-5-23-1-21-20-18-0-17-15-14-11-8-13-6-10-4
4-9-8-15-24-22-11-16-13-19-23-21-7-12-17-18-1-5-25-6-14-10-3-2-0-20-4
4-14-24-0-7-10-19-23-22-5-11-21-2-8-20-18-17-1-16-3-15-13-12-25-9-3-4
4-5-11-12-19-18-25-3-8-23-22-20-21-17-16-13-2-1-7-14-24-6-10-15-9-0-4
4-2-17-18-14-16-20-10-8-25-3-24-5-23-15-21-19-12-13-11-9-7-22-1-6-0-4
4-14-25-18-3-10-12-17-24-20-22-15-13-21-16-9-8-19-23-6-1-2-5-0-11-7-4
4-13-12-6-22-18-16-11-2-25-24-21-17-15-19-10-14-8-7-20-5-3-23-9-1-0-4
4-13-11-22-2-8-15-19-7-23-21-10-20-18-17-9-24-3-16-14-12-6-25-5-1-0-4
4-6-11-8-19-23-25-9-2-0-20-7-24-18-16-22-3-21-17-14-15-13-12-10-1-5-4
4-3-11-14-15-6-1-8-23-25-20-0-19-16-21-7-18-9-17-22-13-12-10-5-2-24-4
4-7-21-16-18-25-19-2-24-15-22-11-9-3-14-23-1-10-13-12-8-6-5-17-0-20-4
4-21-19-6-15-2-24-9-8-11-3-25-7-22-12-0-20-23-18-17-16-14-13-10-5-1-4
4-2-24-23-19-13-25-10-7-6-0-22-16-21-20-18-14-17-1-8-15-5-9-11-3-12-4
4-0-3-24-10-22-19-7-17-23-1-16-9-6-25-18-11-15-20-5-21-13-2-14-12-8-4
4-15-9-19-18-7-8-12-25-24-5-2-20-23-11-22-10-21-17-16-14-13-0-6-3-1-4
4-19-24-8-3-2-10-5-25-22-17-14-23-6-11-18-9-20-16-1-21-15-13-12-7-0-4
4-15-2-25-1-10-21-11-20-18-14-19-16-22-17-24-13-8-7-6-23-5-9-12-3-0-4
4-22-1-7-3-25-6-10-23-11-21-18-13-20-17-14-15-0-8-12-9-5-24-19-2-16-4
4-24-21-13-23-18-25-10-7-17-14-0-5-9-19-20-12-11-1-16-3-6-22-8-15-2-4
4-13-20-2-0-1-12-17-22-3-18-19-15-10-25-21-16-24-8-14-7-6-11-23-9-5-4
4-10-22-5-6-12-24-23-2-8-0-14-7-21-19-18-17-16-9-15-25-13-11-3-20-1-4
4-1-21-15-11-7-25-13-18-2-24-19-0-23-22-17-10-16-12-8-6-14-5-3-9-20-4

Tabela B.2 – População inicial dos AG (continuação)

Rota
4-16-17-21-1-14-24-23-11-9-7-13-22-6-20-3-0-19-18-25-15-12-10-2-8-5-4
4-0-20-7-5-25-6-10-24-16-19-9-23-14-17-21-18-15-13-12-11-8-3-1-22-2-4
4-0-24-16-25-19-13-18-22-5-15-17-1-13-12-11-7-14-20-21-8-2-10-9-6-3-4
4-10-18-3-19-16-24-14-2-22-17-15-11-13-9-25-8-21-6-7-5-20-1-23-0-12-4
4-11-2-1-24-8-23-5-20-22-25-12-17-6-19-15-16-21-13-14-18-7-10-9-3-0-4
4-25-14-1-9-13-15-3-10-7-24-8-23-21-20-19-22-18-16-12-11-6-5-2-17-0-4
4-3-22-2-0-16-15-19-25-24-1-23-11-13-21-20-18-10-17-14-7-12-9-6-8-5-4
4-5-20-22-24-23-19-18-17-7-21-14-13-11-12-25-16-0-6-8-10-9-3-2-1-15-4
4-0-15-17-23-5-12-22-7-18-3-24-25-9-20-14-16-11-2-13-10-21-8-19-6-1-4
4-21-8-18-15-22-25-24-17-23-14-19-20-16-12-3-1-9-13-11-10-7-2-6-5-0-4
4-1-18-11-20-12-6-2-3-13-24-23-22-17-14-16-10-19-7-9-15-25-8-21-5-0-4
4-8-17-1-21-18-15-25-0-20-24-16-23-22-19-14-7-13-12-11-10-3-9-6-5-2-4
4-16-25-0-8-17-15-22-1-5-12-24-2-6-23-9-20-19-18-14-10-21-13-11-7-3-4
4-17-12-22-14-23-21-19-16-3-6-18-20-11-5-15-13-24-10-9-8-7-2-1-25-0-4
4-7-12-21-14-20-8-15-23-16-22-6-0-1-19-9-5-25-17-18-13-11-24-10-3-2-4
4-8-21-24-17-15-10-3-22-20-1-19-12-13-9-18-5-14-2-7-16-25-6-0-11-23-4
4-2-13-21-19-20-22-17-14-23-12-11-16-10-15-6-24-9-1-8-7-5-0-3-25-18-4
4-21-18-22-14-20-8-19-0-6-24-25-2-12-17-15-13-16-23-10-7-11-3-1-5-9-4
4-17-24-7-21-8-5-16-23-9-20-19-15-11-1-18-2-22-14-13-12-10-6-3-25-0-4
4-21-3-14-15-25-16-1-24-8-20-19-13-18-10-7-12-11-5-2-0-22-17-9-23-6-4
4-15-24-3-22-14-20-19-10-18-9-13-12-6-11-8-2-23-25-21-17-16-7-5-0-1-4
4-7-12-15-17-9-3-16-20-24-5-23-10-25-19-0-21-8-22-18-14-13-6-2-11-1-4
4-24-22-13-7-21-1-23-0-12-19-18-16-14-17-11-10-15-9-8-5-20-3-2-25-6-4
4-11-17-12-7-25-1-22-21-19-24-23-9-3-18-16-5-20-2-8-13-10-6-0-15-14-4
4-20-1-13-3-23-10-22-5-12-7-14-19-18-17-2-24-6-25-21-16-11-9-8-0-15-4
4-3-9-18-25-23-24-13-6-5-22-19-12-20-11-17-16-0-7-14-15-8-10-21-2-1-4
4-2-9-14-25-7-1-23-21-22-5-16-20-19-6-18-15-10-13-12-24-17-11-8-3-0-4
4-6-22-18-11-0-16-19-25-17-2-15-7-14-8-13-12-5-9-21-20-3-24-1-23-10-4
4-13-8-18-11-20-25-10-24-19-22-5-23-17-16-15-14-7-21-12-9-6-2-3-1-0-4
4-9-24-8-6-5-15-3-14-11-13-25-12-20-23-0-22-19-16-10-18-17-21-1-7-2-4
4-19-7-15-14-25-11-24-22-23-17-16-9-20-21-1-8-18-5-6-3-12-13-2-0-10-4
4-13-21-2-9-24-6-15-8-18-16-17-11-0-22-10-20-12-7-5-1-25-23-19-14-3-4
4-17-25-0-8-24-11-19-23-15-22-14-16-5-9-20-18-21-2-13-10-6-1-3-12-7-4
4-22-16-21-15-9-25-7-23-5-20-17-11-19-14-3-18-10-8-13-1-6-2-12-0-24-4
4-21-5-20-14-10-8-3-24-22-19-18-7-15-25-12-16-6-9-13-2-11-23-0-1-17-4
4-16-1-25-12-6-5-14-24-15-7-23-19-13-21-22-20-18-17-11-10-9-2-8-0-3-4
4-14-15-22-17-24-3-11-23-21-6-20-19-18-1-16-0-9-13-10-7-8-12-5-25-2-4
4-0-11-16-10-23-6-5-12-25-13-20-14-2-18-24-9-19-22-21-3-7-17-15-8-1-4
4-8-14-0-6-25-24-18-3-21-13-12-10-5-20-22-11-9-7-19-2-23-1-17-15-16-4
4-21-11-12-19-24-13-20-25-23-7-9-8-22-18-16-15-1-17-2-14-10-6-5-3-0-4
4-13-22-3-18-25-16-9-24-23-19-21-8-6-20-15-5-14-12-10-11-1-7-2-17-0-4
4-1-23-5-0-25-11-3-16-24-10-21-22-20-18-6-19-15-2-14-17-12-9-13-8-7-4
4-11-16-17-18-12-24-20-5-19-15-2-0-25-14-13-21-10-6-1-23-9-8-7-3-22-4
4-2-12-23-25-24-14-10-6-22-16-21-20-17-11-3-9-13-18-7-5-8-0-15-19-1-4
4-14-15-8-10-20-22-6-12-3-18-25-2-17-0-24-16-23-21-13-11-9-7-5-19-1-4
4-21-10-6-25-17-14-12-16-24-23-19-9-22-8-20-18-2-11-15-13-7-5-3-1-0-4
4-19-14-13-1-6-11-25-2-17-16-24-18-3-23-21-0-15-20-9-10-12-8-7-22-5-4
4-9-2-5-3-15-6-12-24-23-19-7-1-22-25-18-14-17-21-16-13-11-10-8-0-20-4
4-9-23-5-21-18-8-25-7-22-6-24-20-19-15-16-10-13-12-17-14-0-1-11-3-2-4
4-15-0-20-6-17-24-12-5-22-25-21-19-8-14-11-13-10-7-23-9-16-18-3-2-1-4
4-25-7-22-21-12-9-23-18-19-14-5-0-15-13-1-11-20-10-3-8-16-6-24-17-2-4
4-12-16-9-23-0-1-25-7-24-18-21-20-19-17-10-5-15-13-11-8-22-14-6-2-3-4
4-8-15-13-1-21-18-19-9-25-14-24-23-22-17-20-5-6-12-3-11-10-7-2-16-0-4
4-12-17-20-18-23-6-24-15-14-13-22-0-5-19-11-9-25-8-10-16-7-3-2-1-21-4
4-9-24-25-21-1-17-22-19-12-7-13-23-3-0-18-16-14-10-8-6-20-11-5-2-15-4

Tabela B.2 – População inicial dos AG (continuação)

Rota
4-0-17-6-12-25-11-2-24-21-10-19-22-23-7-9-18-16-13-20-3-15-14-8-5-1-4
4-13-14-8-0-3-11-25-7-23-9-6-1-22-21-20-19-5-24-18-17-12-16-15-10-2-4
4-17-25-22-5-24-3-18-23-13-8-21-19-15-20-12-11-14-10-9-6-16-7-2-1-0-4
4-25-13-20-14-22-10-0-17-23-1-21-19-16-18-15-9-5-3-12-11-8-7-24-6-2-4
4-15-5-1-16-24-9-23-11-7-22-2-18-6-14-20-13-12-10-8-19-21-3-17-25-0-4
4-18-1-14-3-6-8-21-15-22-23-5-9-7-16-25-20-19-24-0-17-12-2-11-13-10-4
4-6-21-1-23-8-5-25-24-10-2-22-16-12-3-0-13-18-9-15-20-17-19-14-11-7-4
4-12-20-11-10-25-19-15-21-5-24-17-7-6-16-23-22-13-18-8-9-3-1-0-14-2-4
4-25-12-3-15-24-16-14-18-23-22-1-7-21-19-10-17-20-8-5-11-9-6-2-0-13-4
4-22-25-5-18-10-14-6-19-9-3-24-21-1-7-17-23-15-13-16-12-11-2-20-8-0-4
4-14-10-2-6-22-24-20-11-18-5-15-19-12-13-7-17-16-9-1-21-3-8-0-25-23-4
4-22-3-21-10-14-25-19-5-24-20-1-17-8-13-12-16-15-11-23-7-6-9-18-2-0-4
4-7-19-25-13-21-5-20-18-16-15-14-12-22-23-11-10-8-3-6-24-2-1-9-0-17-4
4-3-15-12-13-9-25-8-24-2-22-16-20-19-18-11-23-17-21-14-10-6-0-7-5-1-4
4-23-10-6-20-19-22-1-25-24-8-9-5-17-18-15-0-3-21-11-14-13-2-16-12-7-4
4-20-19-1-16-25-17-22-14-24-18-13-10-5-12-3-9-8-21-23-6-7-2-11-0-15-4
4-17-8-23-12-21-11-20-15-5-25-7-14-16-22-13-0-10-18-9-19-6-2-3-24-1-4
4-22-25-19-20-17-13-18-7-8-24-5-21-16-15-12-23-2-11-10-9-3-1-0-6-14-4
4-16-6-3-25-15-1-12-24-19-8-0-17-23-11-22-2-21-9-20-18-13-14-10-7-5-4
4-23-13-0-15-11-14-25-3-22-7-12-6-10-21-1-20-24-19-18-17-16-5-9-8-2-4
4-17-13-21-7-14-10-8-1-24-3-20-15-16-22-18-19-12-11-2-9-25-6-5-0-23-4
4-21-10-25-3-6-0-20-11-15-24-13-18-17-23-5-16-12-9-22-2-7-14-8-19-1-4
4-11-19-14-3-22-25-23-17-16-0-9-5-15-10-24-18-13-12-21-1-7-20-8-6-2-4
4-24-5-9-16-13-22-21-1-2-23-3-20-17-7-19-25-18-15-10-14-11-12-8-6-0-4
4-2-12-3-7-1-6-15-20-21-24-22-23-5-19-18-16-14-17-25-11-10-8-9-13-0-4
4-25-14-16-10-21-3-0-12-23-8-22-6-5-20-24-9-19-18-13-15-17-11-1-7-2-4
4-10-23-6-18-19-11-2-25-16-24-8-22-0-21-12-20-17-1-15-14-13-9-5-7-3-4
4-23-18-19-24-7-17-0-14-9-8-3-5-22-21-20-25-16-12-10-6-13-11-15-2-1-4
4-16-22-25-12-5-23-19-6-18-10-24-17-14-15-13-11-2-0-8-1-9-20-7-3-21-4
4-7-9-25-10-24-23-11-16-15-21-17-2-6-19-3-20-18-22-14-13-8-12-5-1-0-4
4-11-2-5-12-22-17-13-8-25-24-6-21-20-19-18-15-23-14-10-16-7-9-0-3-1-4
4-16-6-0-19-8-5-15-21-13-22-18-12-14-17-24-23-11-10-25-9-7-20-1-2-3-4
4-18-0-11-25-19-21-16-9-15-5-14-13-23-20-8-12-17-10-22-24-7-6-2-3-1-4
4-5-18-21-6-9-19-15-25-24-22-12-3-2-23-17-20-16-14-10-11-8-7-13-1-0-4
4-10-1-19-20-16-9-24-18-21-13-8-25-2-23-0-17-12-7-22-5-14-6-3-15-11-4
4-25-19-9-24-11-6-22-7-21-8-18-23-17-14-15-20-13-12-10-5-1-3-2-16-0-4
4-10-16-25-15-2-24-23-9-21-0-20-1-7-19-18-17-14-12-13-11-8-6-22-3-5-4
4-16-21-22-1-23-19-18-6-14-2-24-13-11-20-10-5-9-12-15-8-17-7-3-0-25-4
4-20-0-7-19-24-6-22-23-21-17-5-13-15-2-18-16-25-11-3-10-12-9-8-1-14-4
4-1-14-19-21-17-10-25-12-24-20-3-15-22-18-7-16-13-11-8-6-5-0-23-2-9-4
4-10-17-1-3-22-24-23-6-19-18-15-20-21-5-16-11-25-14-13-12-9-7-2-8-0-4
4-25-19-15-5-12-24-22-20-11-7-21-17-18-10-9-23-8-1-6-3-16-2-0-14-13-4
4-13-24-14-19-6-17-7-5-22-20-21-23-18-3-12-15-11-10-16-8-9-25-2-1-0-4
4-16-23-20-22-13-18-24-19-25-17-15-12-10-9-3-7-6-11-8-2-21-1-0-5-14-4
4-8-24-19-22-21-13-14-16-20-17-23-15-12-11-6-18-25-10-9-5-7-3-2-1-0-4
4-22-19-18-3-16-25-5-14-9-0-24-23-21-2-17-15-13-20-1-12-10-8-7-6-11-4
4-17-15-0-5-8-18-23-22-7-13-12-14-19-11-2-10-1-16-25-21-9-24-6-3-20-4
4-17-7-18-19-24-23-20-22-25-12-21-15-14-13-16-11-10-2-9-8-3-6-5-1-0-4
4-15-14-25-23-12-17-5-2-1-20-24-19-21-3-11-18-16-0-22-13-10-9-8-7-6-4
4-22-3-25-1-24-10-20-15-7-18-23-12-17-2-16-21-14-13-19-9-0-8-6-11-5-4
4-14-6-10-3-25-7-18-24-17-15-23-19-22-11-21-8-20-16-13-1-9-5-0-2-12-4
4-23-3-18-13-22-25-17-21-14-19-8-7-15-16-24-12-11-10-9-6-20-2-1-0-5-4
4-17-22-10-20-13-24-25-14-9-12-23-5-3-8-19-18-1-6-11-16-15-21-7-2-0-4

ANEXO C

Tabela C.1 – Tratamentos utilizados para a criação da base de dados

Configuração	População	Geração	Crossover	Mutação	Recurso	Ferir-se
1	200	10.000	0,5	0,01	20	10
2	200	10.000	0,5	0,005	20	10
3	200	10.000	0,5	0,001	20	10
4	200	10.000	0,6	0,01	20	10
5	200	10.000	0,6	0,005	20	10
6	200	10.000	0,6	0,001	20	10
7	200	10.000	0,7	0,01	20	10
8	200	10.000	0,7	0,005	20	10
9	200	10.000	0,7	0,001	20	10
10	200	10.000	0,8	0,01	20	10
11	200	10.000	0,8	0,005	20	10
12	200	10.000	0,8	0,001	20	10
13	200	10.000	0,5	0,01	10	20
14	200	10.000	0,5	0,005	10	20
15	200	10.000	0,5	0,001	10	20
16	200	10.000	0,6	0,01	10	20
17	200	10.000	0,6	0,005	10	20
18	200	10.000	0,6	0,001	10	20
19	200	10.000	0,7	0,01	10	20
20	200	10.000	0,7	0,005	10	20
21	200	10.000	0,7	0,001	10	20
22	200	10.000	0,8	0,01	10	20
23	200	10.000	0,8	0,005	10	20
24	200	10.000	0,8	0,001	10	20
25	200	10.000	0,5	0,01	50	25
26	200	10.000	0,5	0,005	50	25
27	200	10.000	0,5	0,001	50	25
28	200	10.000	0,6	0,01	50	25
29	200	10.000	0,6	0,005	50	25
30	200	10.000	0,6	0,001	50	25
31	200	10.000	0,7	0,01	50	25
32	200	10.000	0,7	0,005	50	25
33	200	10.000	0,7	0,001	50	25
34	200	10.000	0,8	0,01	50	25
35	200	10.000	0,8	0,005	50	25
36	200	10.000	0,8	0,001	50	25
37	200	10.000	0,5	0,01	25	50
38	200	10.000	0,5	0,005	25	50
39	200	10.000	0,5	0,001	25	50
40	200	10.000	0,6	0,01	25	50
41	200	10.000	0,6	0,005	25	50
42	200	10.000	0,6	0,001	25	50
43	200	10.000	0,7	0,01	25	50
44	200	10.000	0,7	0,005	25	50
45	200	10.000	0,7	0,001	25	50
46	200	10.000	0,8	0,01	25	50
47	200	10.000	0,8	0,005	25	50
48	200	10.000	0,8	0,001	25	50

ANEXO D

Tabela D.1 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Aleatório

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Aleatório	RHDSA Aleatório	RHDCA Aleatório
HDR Aleatório		0,00000	0,00000
RHDSA Aleatório	0,00000		0,62754
RHDCA Aleatório	0,00000	0,62754	

Tabela D.2 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Aleatório

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Aleatório	RHDSA Aleatório	RHDCA Aleatório
HDR Aleatório		0,00000	0,00000
RHDSA Aleatório	0,00000		0,01040
RHDCA Aleatório	0,00000	0,01040	

Tabela D.3 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Hawk

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Hawk	RHDSA Hawk	RHDCA Hawk
HDR Hawk		0,00000	0,00000
RHDSA Hawk	0,00000		0,96299
RHDCA Hawk	0,00000	0,96299	

Tabela D.4 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Hawk

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Hawk	RHDSA Hawk	RHDCA Hawk
HDR Hawk		0,00000	0,00000
RHDSA Hawk	0,00000		0,74695
RHDCA Hawk	0,00000	0,74695	

Tabela D.5 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Dove

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Dove	RHDSA Dove	RHDCA Dove
HDR Dove		0,00000	0,00000
RHDSA Dove	0,00000		0,28987
RHDCA Dove	0,00000	0,28987	

Tabela D.6 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Dove

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR Dove	RHDSA Dove	RHDCA Dove
HDR Dove		0,00000	0,00000
RHDSA Dove	0,00000		0,93056
RHDCA Dove	0,00000	0,93056	

Tabela D.7 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT25

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT25	RHDSA TFT25	RHDCA TFT25
HDR TFT25		0,00000	0,00000
RHDSA TFT25	0,00000		0,60252
RHDCA TFT25	0,00000	0,60252	

Tabela D.8 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT25

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT25	RHDSA TFT25	RHDCA TFT25
HDR TFT25		0,00000	0,00000
RHDSA TFT25	0,00000		0,91547
RHDCA TFT25	0,00000	0,91547	

Tabela D.9 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT50

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT50	RHDSA TFT50	RHDCA TFT50
HDR TFT50		0,00000	0,00000
RHDSA TFT50	0,00000		0,56893
RHDCA TFT50	0,00000	0,56893	

Tabela D.10 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT50

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT50	RHDSA TFT50	RHDCA TFT50
HDR TFT50		0,00000	0,00000
RHDSA TFT50	0,00000		0,80587
RHDCA TFT50	0,00000	0,80587	

Tabela D.11 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia TFT75

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT75	RHDSA TFT75	RHDCA TFT75
HDR TFT75		0,00000	0,00000
RHDSA TFT75	0,00000		0,46831
RHDCA TFT75	0,00000	0,46831	

Tabela D.12 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia TFT75

$\begin{matrix} i \\ j \end{matrix}$	HDR TFT75	RHDSA TFT75	RHDCA TFT75
HDR TFT75		0,00000	0,00000
RHDSA TFT75	0,00000		0,48775
RHDCA TFT75	0,00000	0,48775	

Tabela D.13 – Probabilidades de significância da variável Geração na estratégia Misto

j \ i			
	HDR Misto	RHDSA Misto	RHDCA Misto
HDR Misto		0,00000	0,00000
RHDSA Misto	0,00000		0,45313
RHDCA Misto	0,00000	0,45313	

Tabela D.14 – Probabilidades de significância da variável Distância na estratégia Misto

j \ i			
	HDR Misto	RHDSA Misto	RHDCA Misto
HDR Misto		0,00000	0,00000
RHDSA Misto	0,00000		0,87080
RHDCA Misto	0,00000	0,87080	

ANEXO E

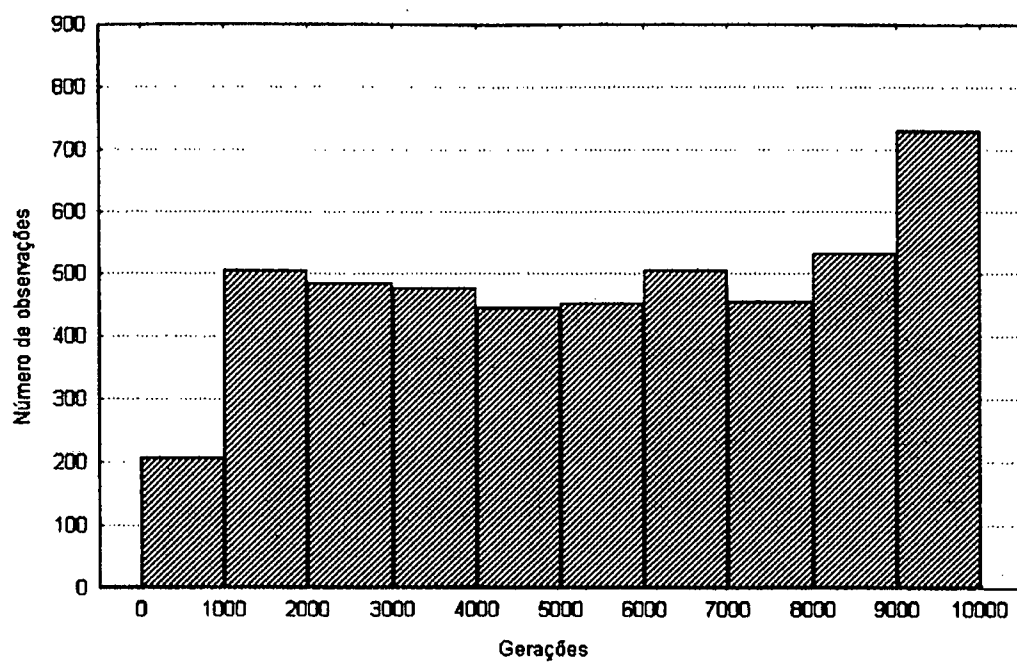


Figura E.1 – Histograma da variável Geração pelo método Tradicional

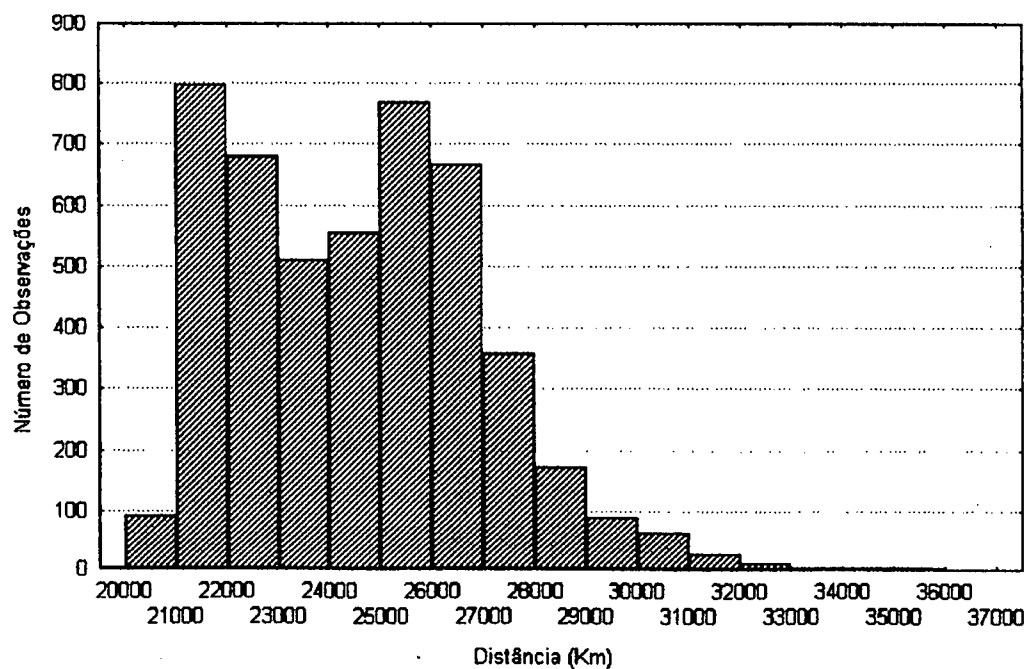


Figura E.2 – Histograma da variável Distância pelo método Tradicional

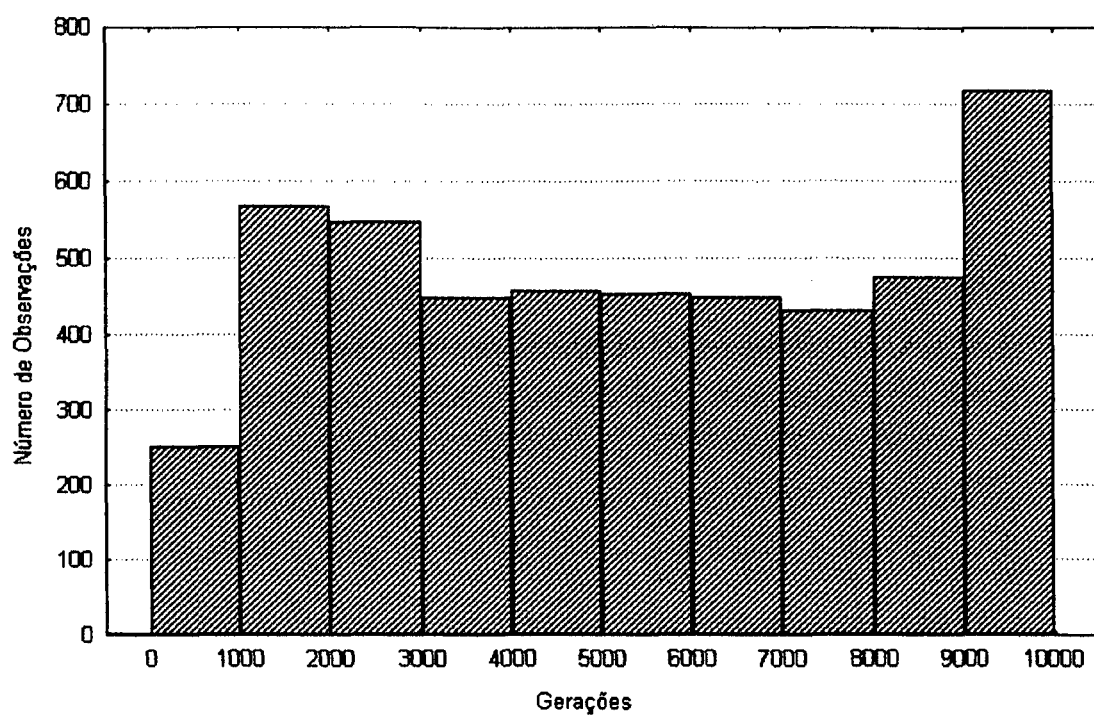


Figura E.3 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Aleatório

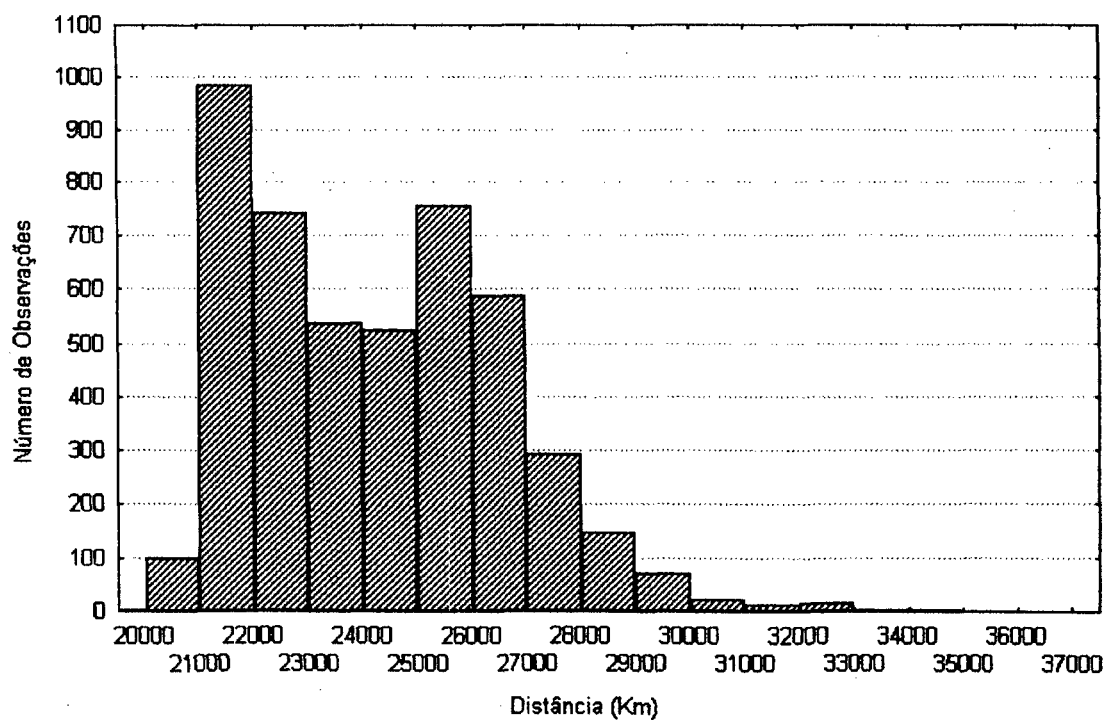


Figura E.4 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Aleatório

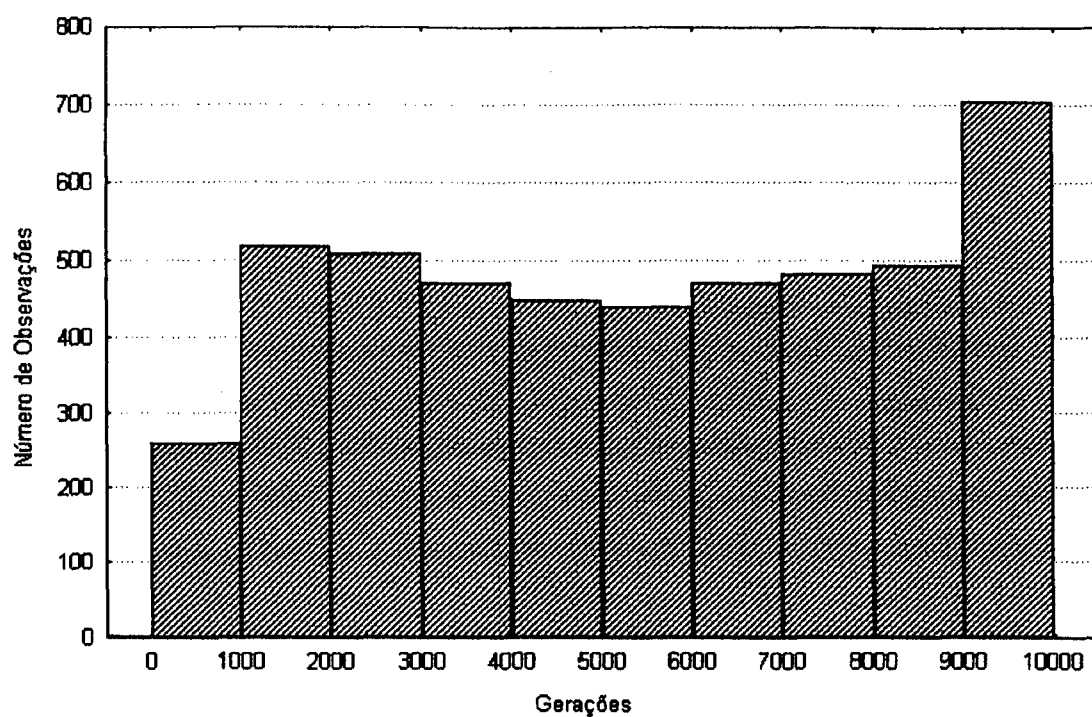


Figura E.5 – Histograma da variável Gerações pelo método HDR utilizando a estratégia Hawk

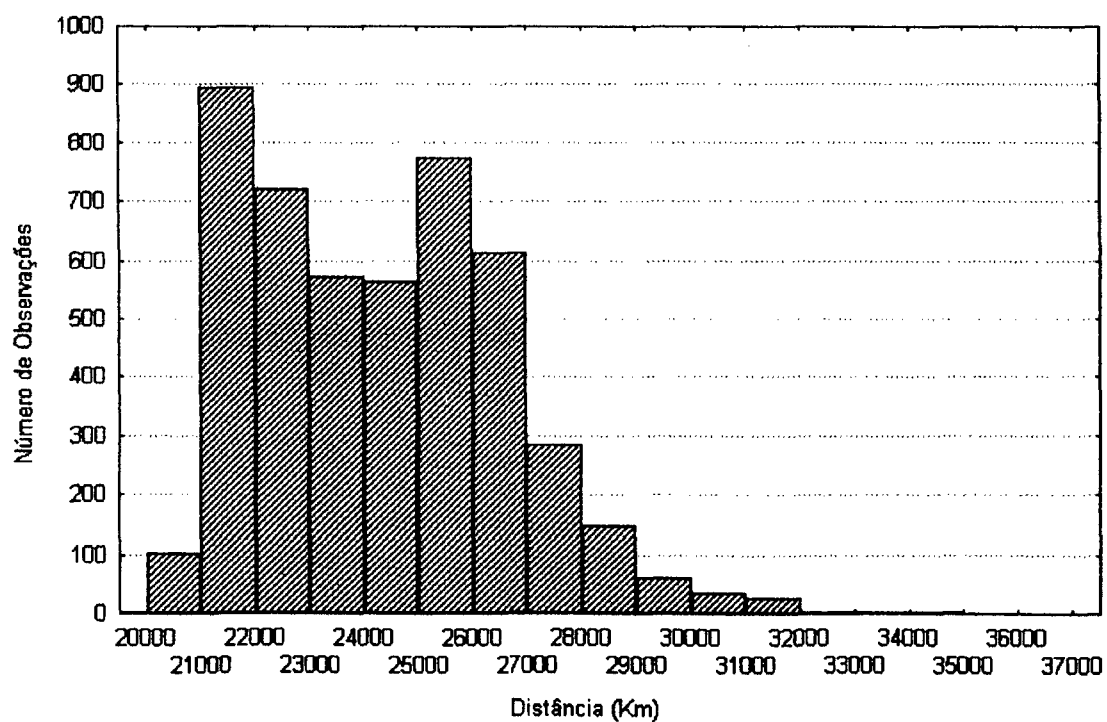


Figura E.6 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Hawk

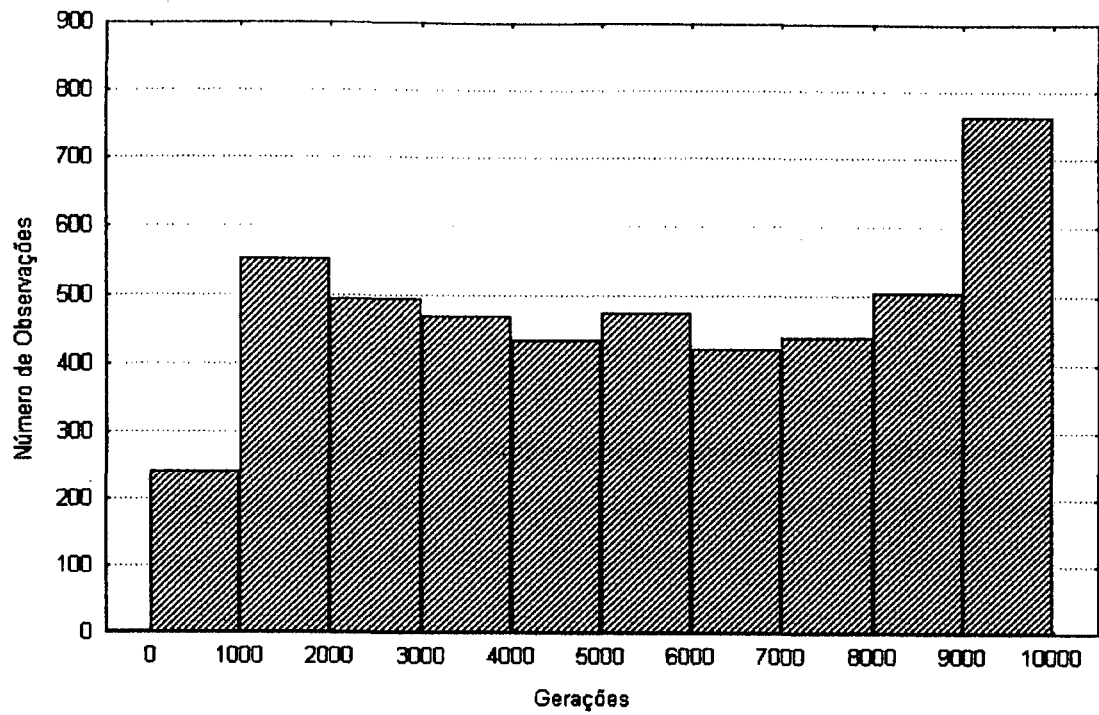


Figura E.7 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Dove

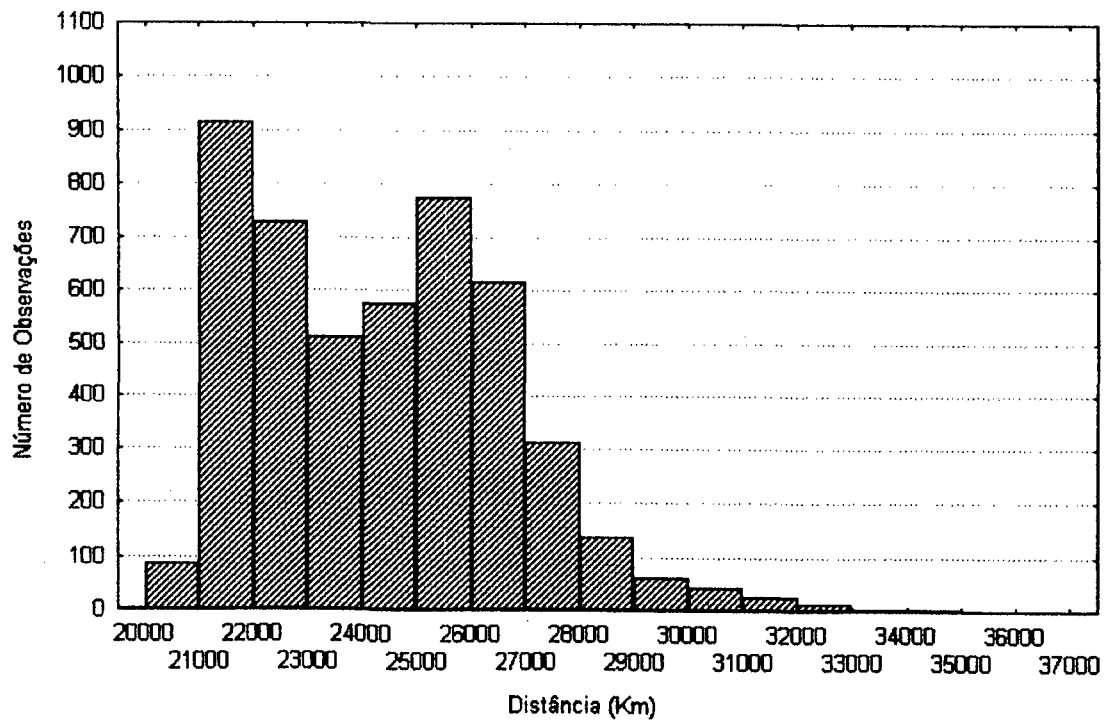


Figura E.8 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Dove

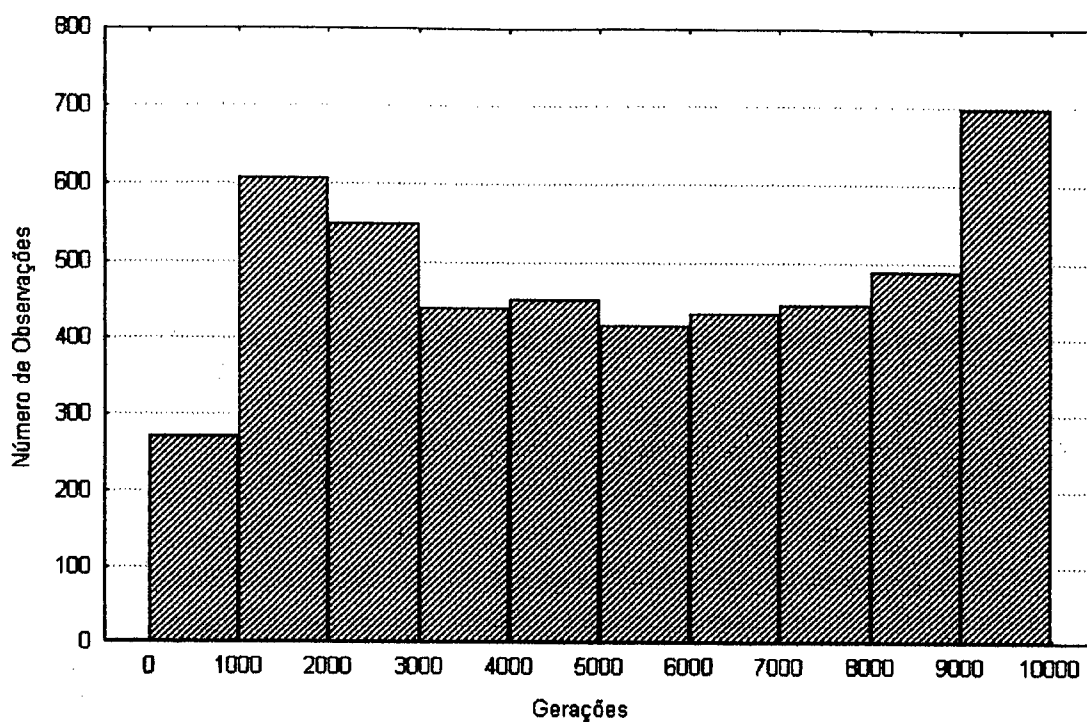


Figura E.9 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT25

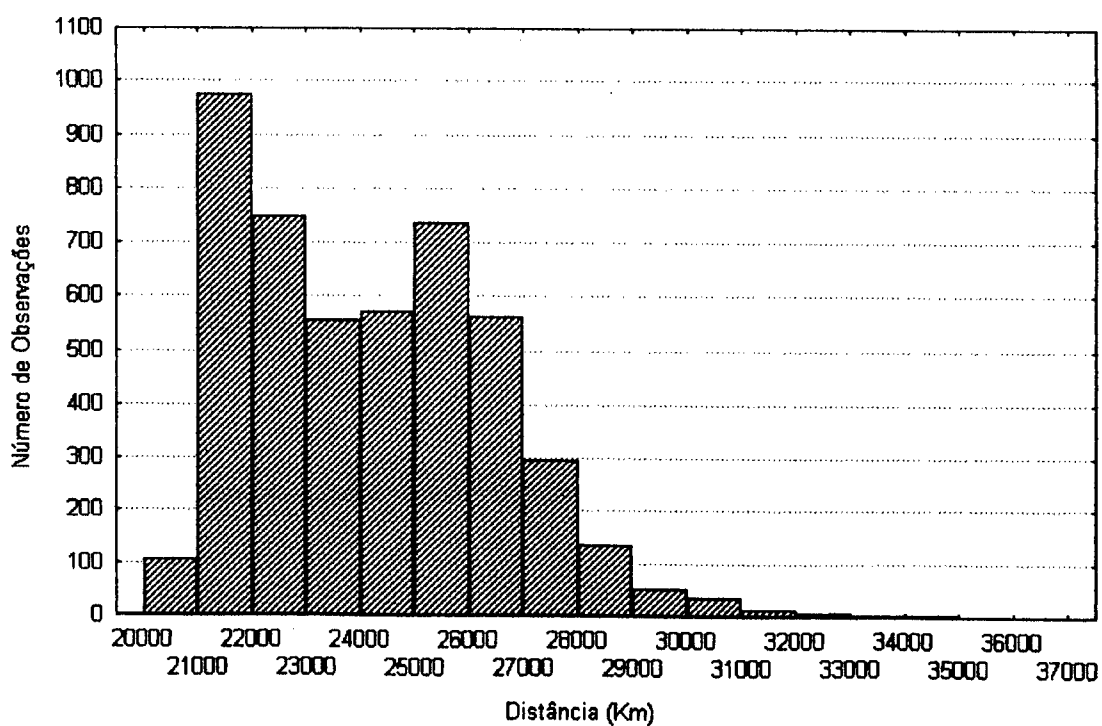


Figura E.10 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT25

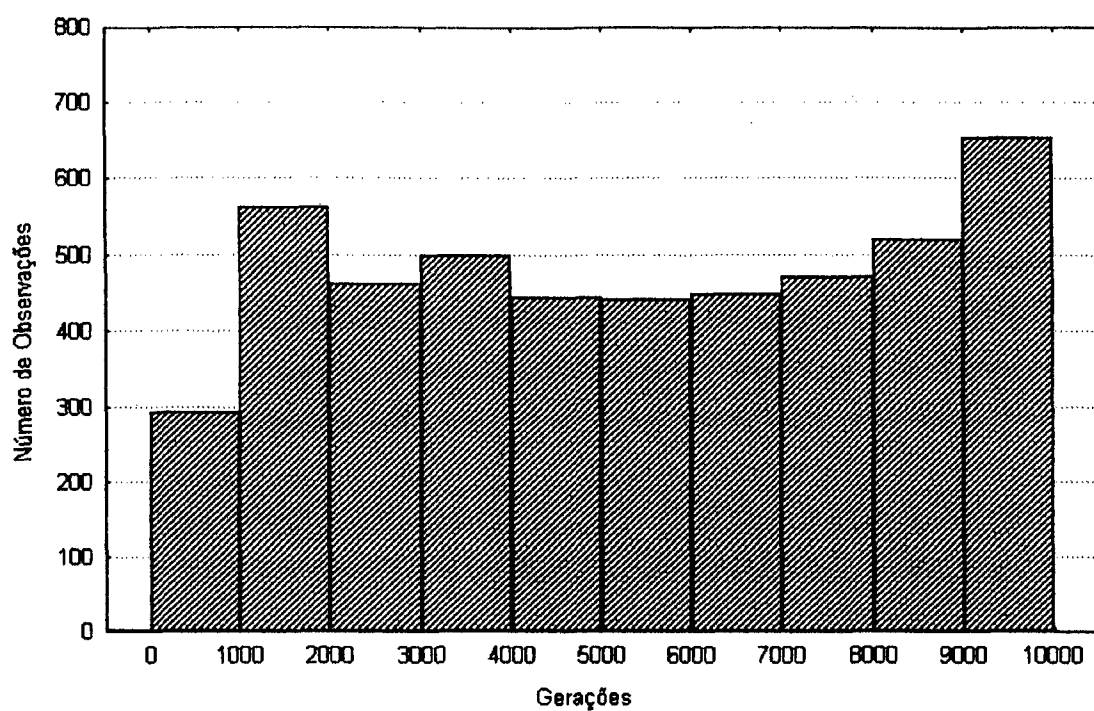


Figura E.11 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT50

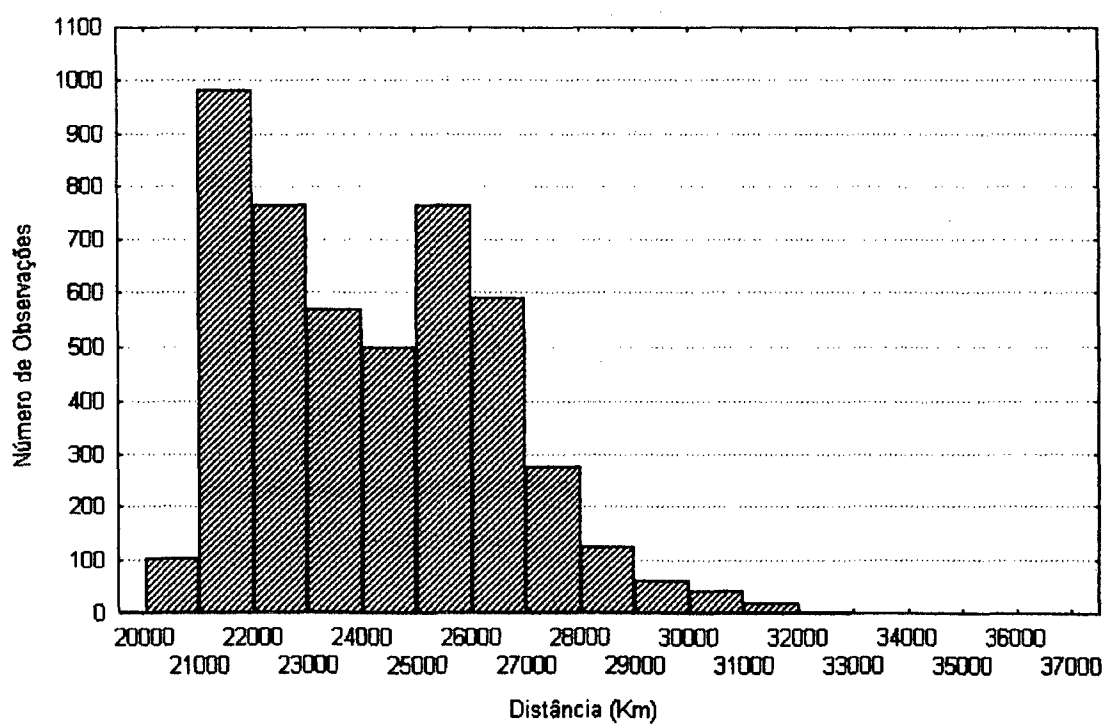


Figura E.12 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT50

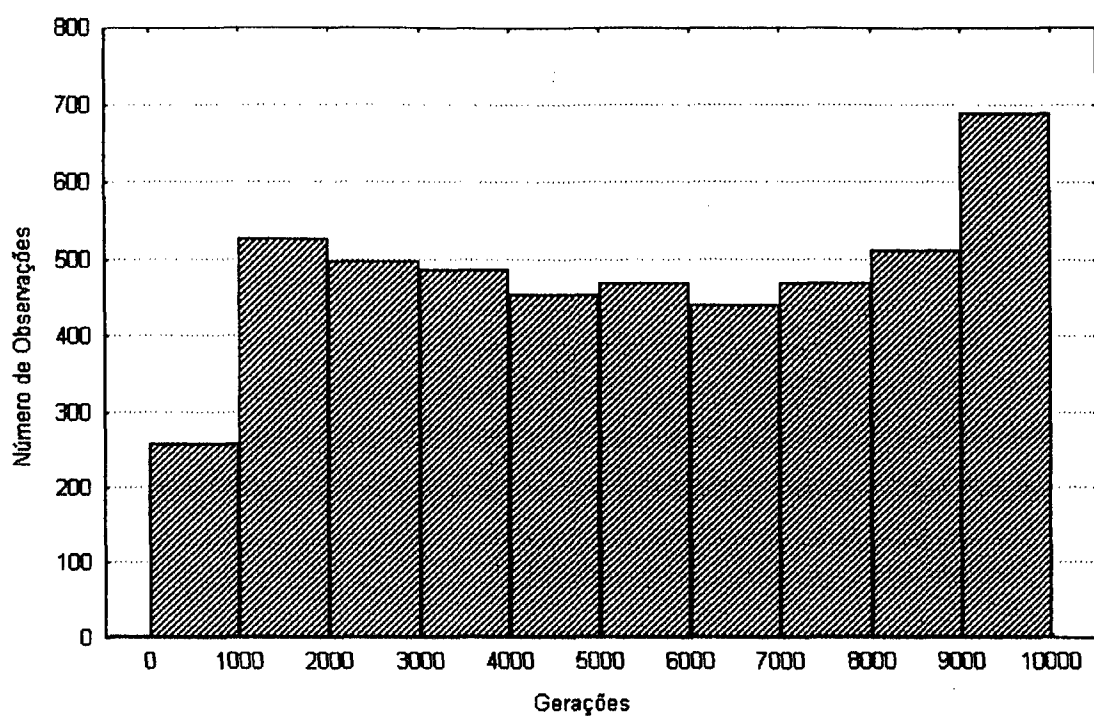


Figura E.13 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia TFT75

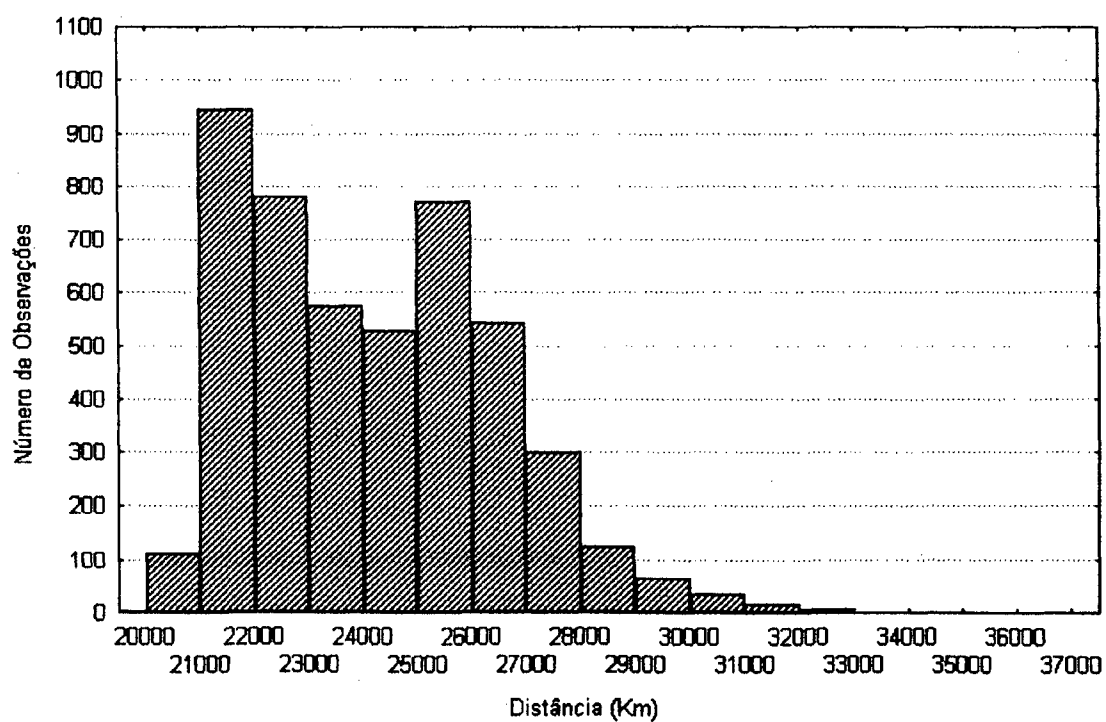


Figura E.14 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia TFT75

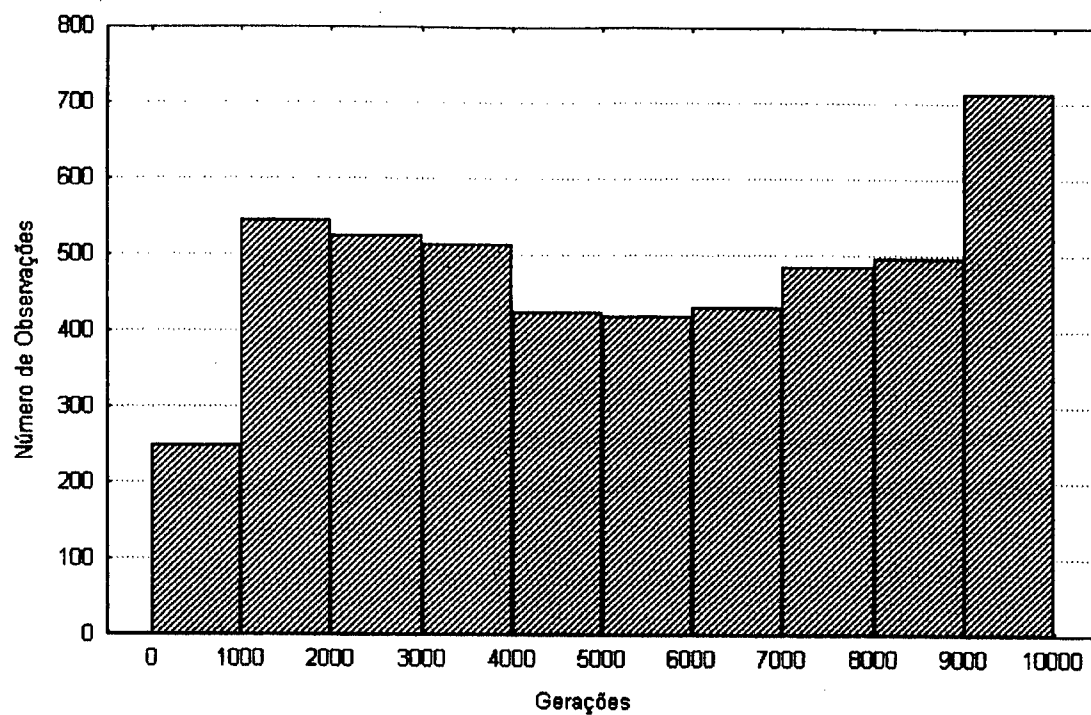


Figura E.15 – Histograma da variável Geração pelo método HDR utilizando a estratégia Misto

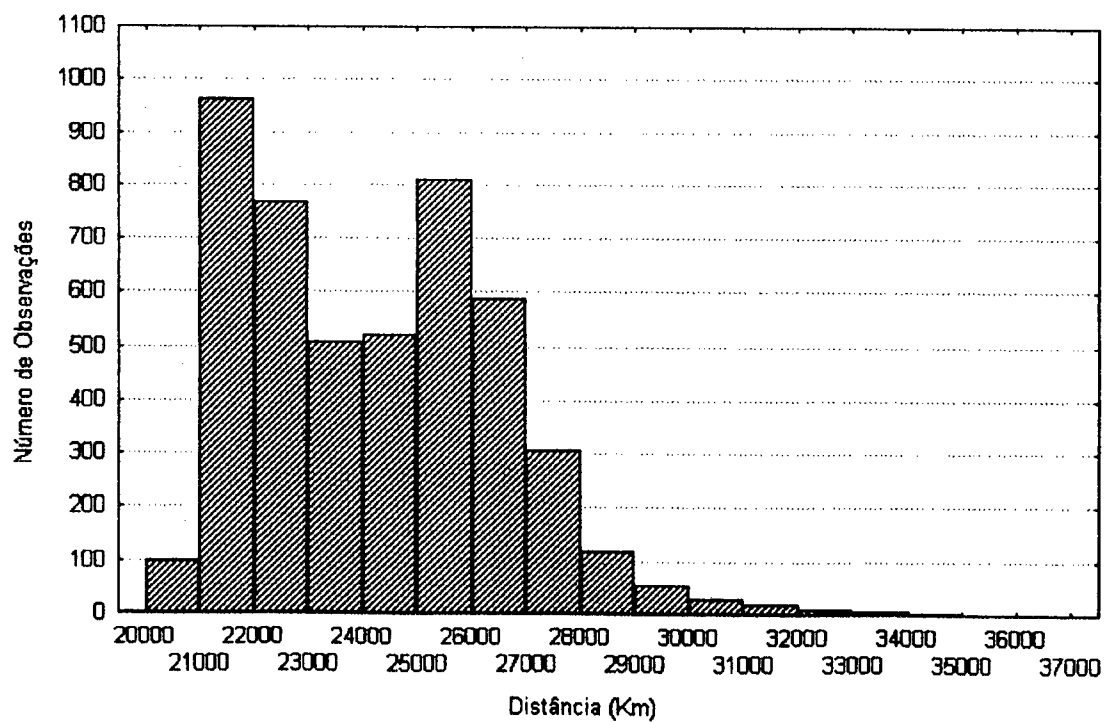


Figura E.16 – Histograma da variável Distância pelo método HDR utilizando a estratégia Misto

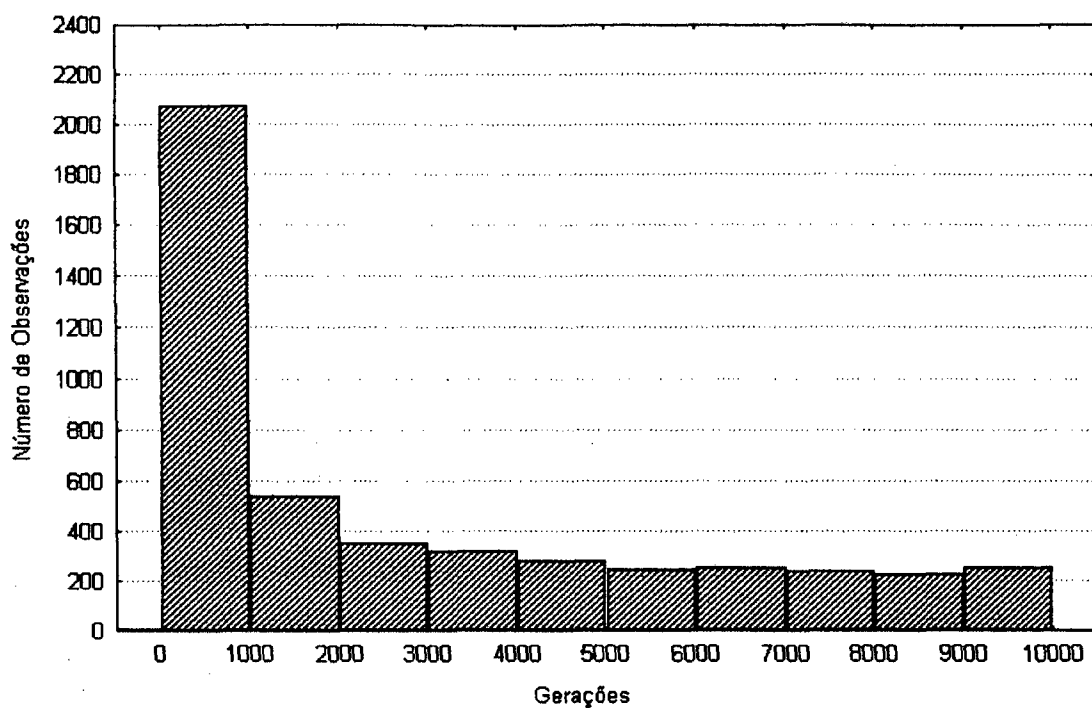


Figura E.17 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Aleatório

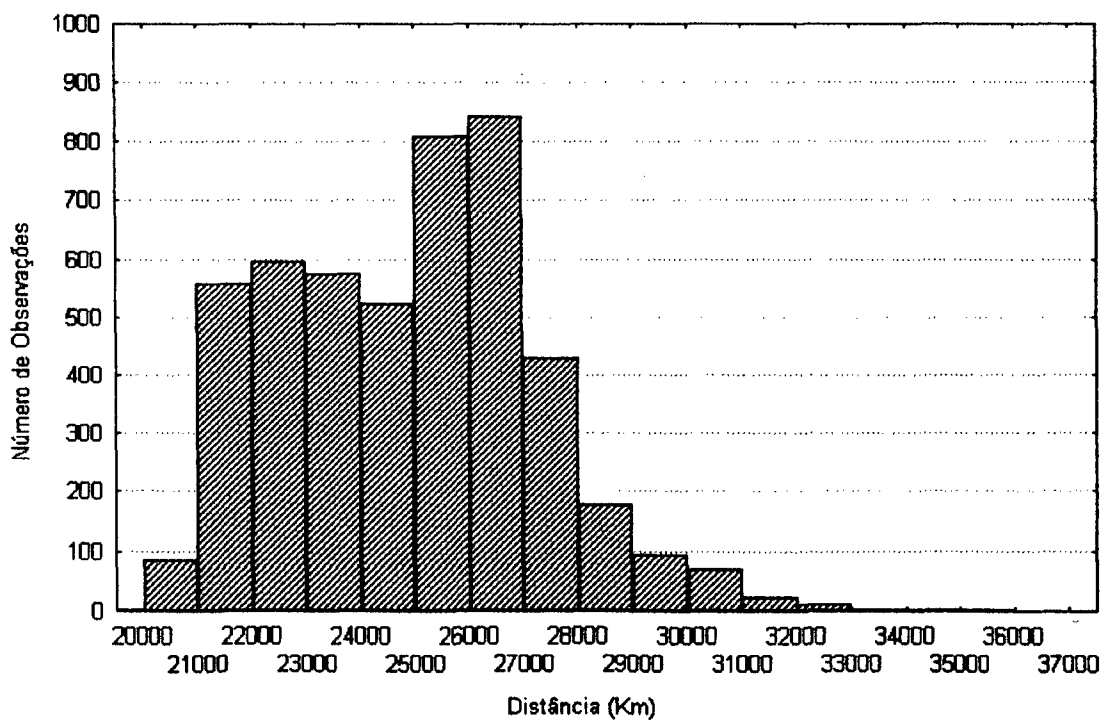


Figura E.18 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Aleatório

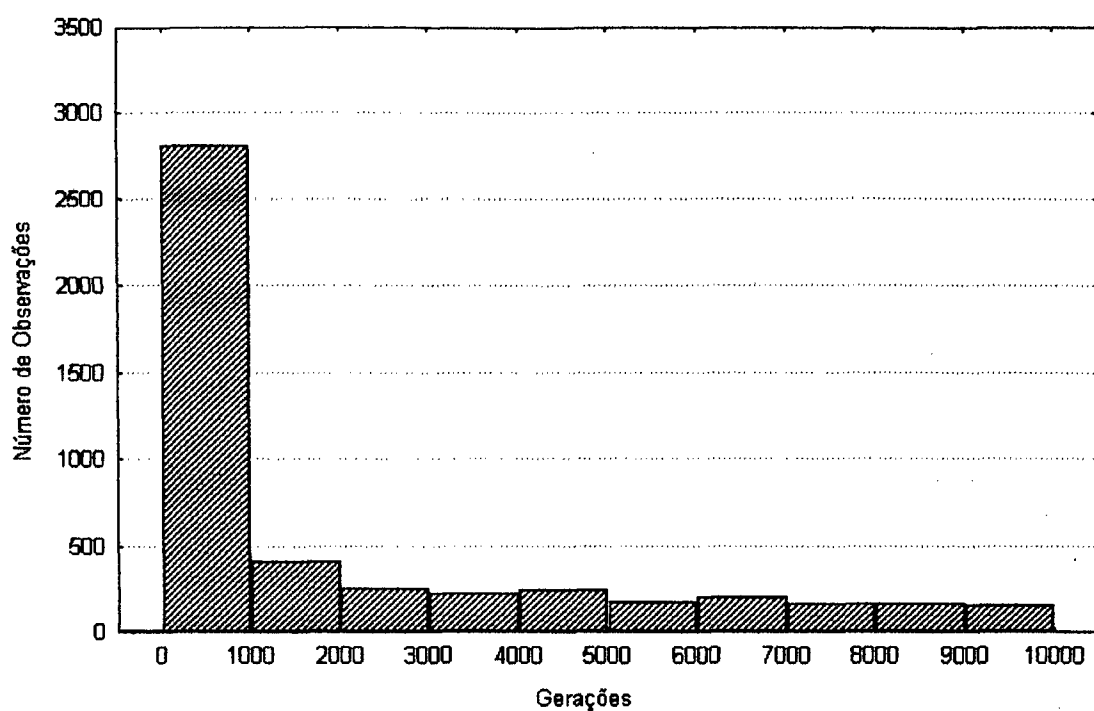


Figura E.19 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Hawk

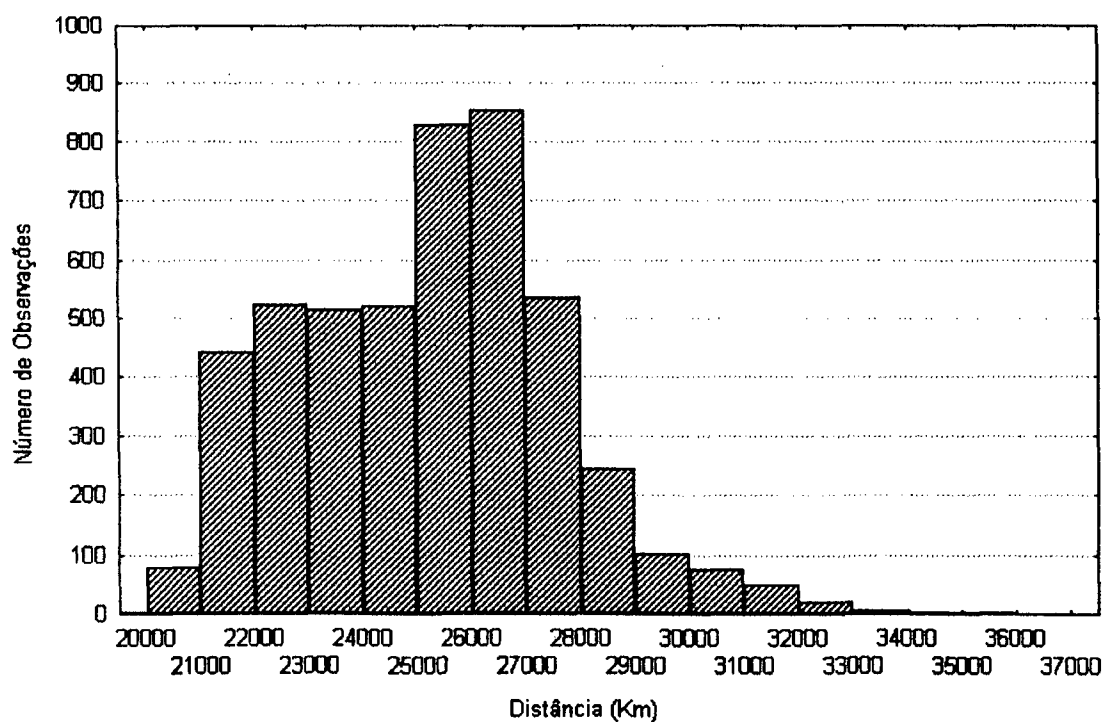


Figura E.20 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Hawk

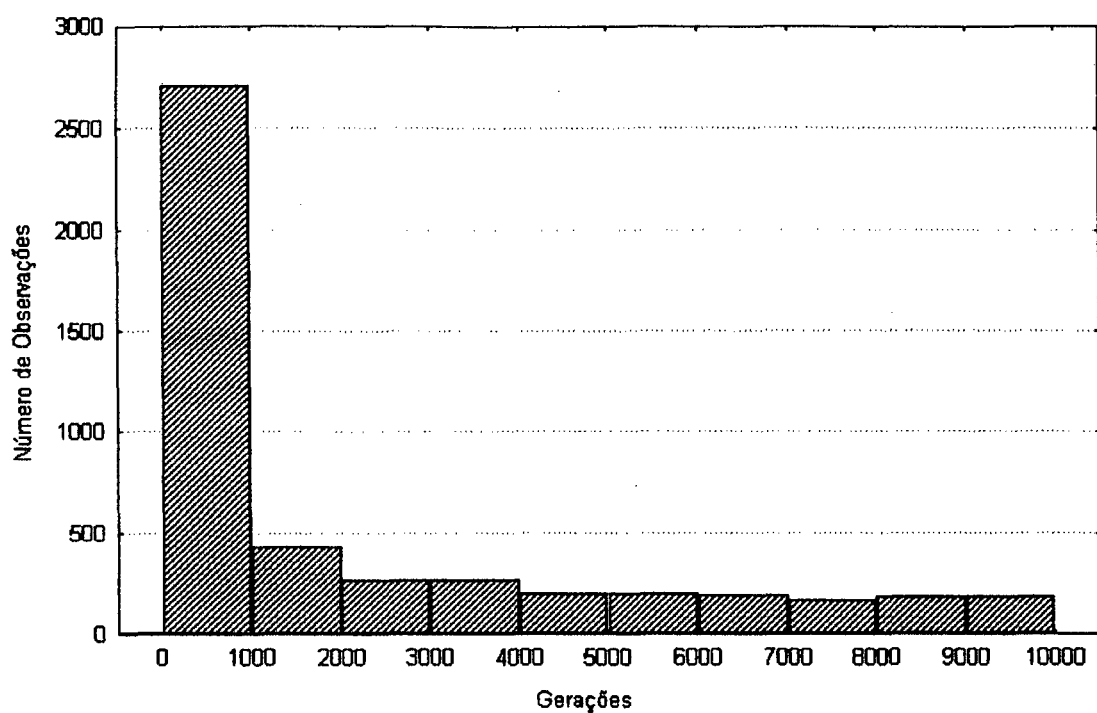


Figura E.21 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Dove

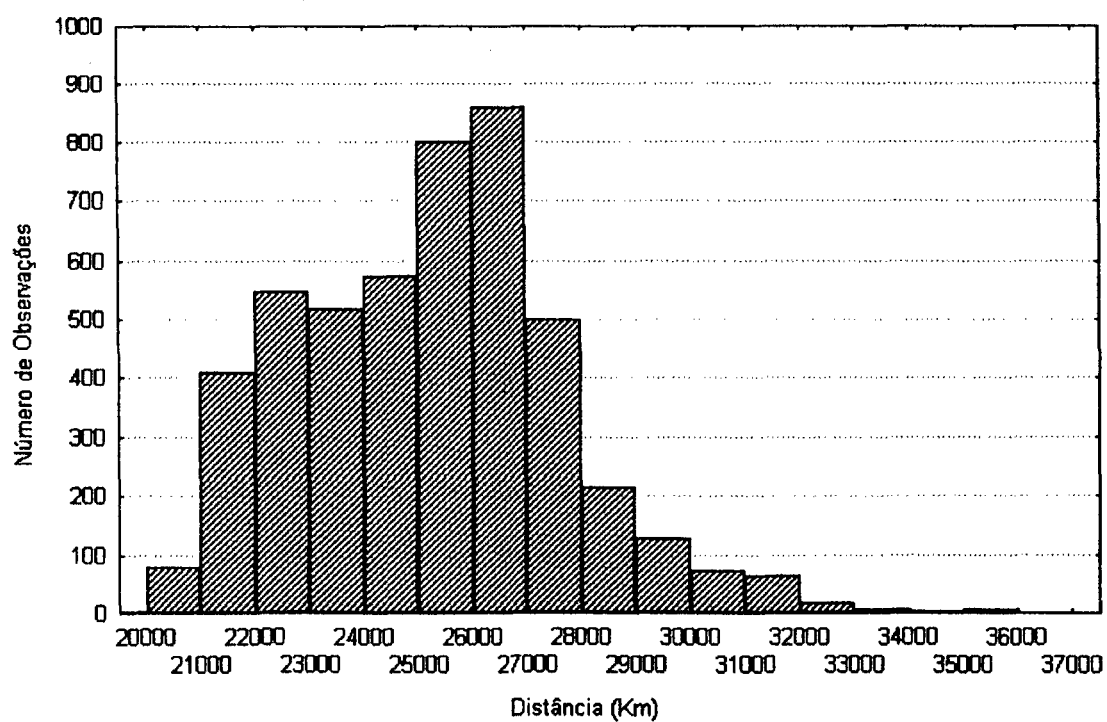


Figura E.22 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Dove

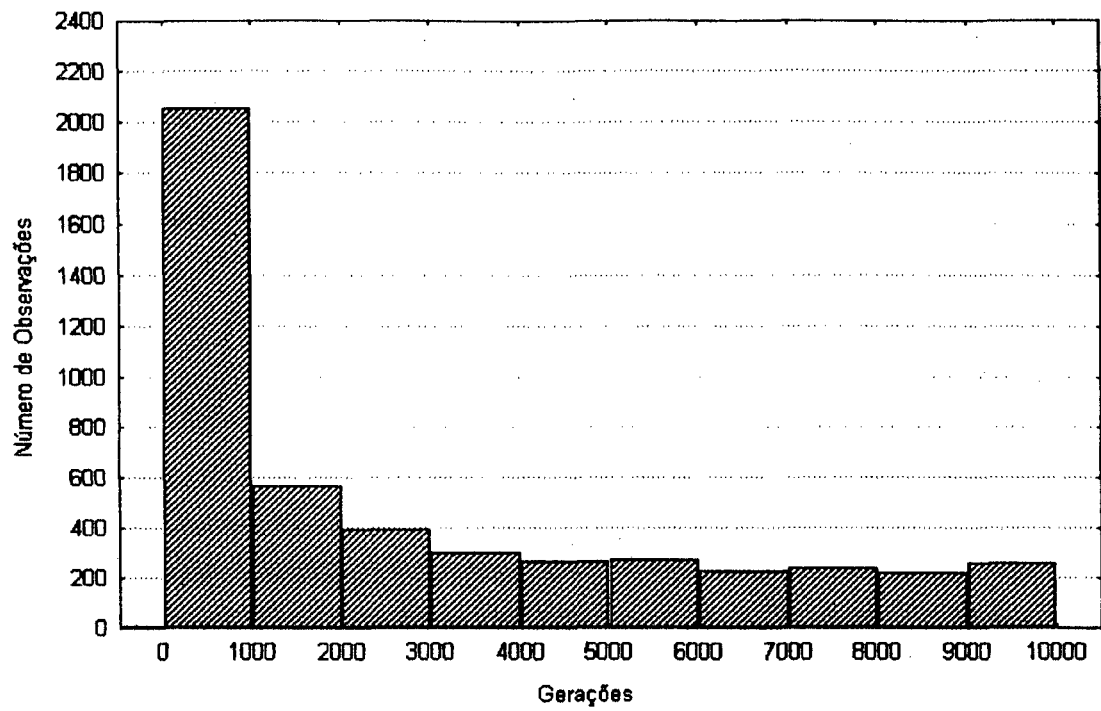


Figura E.23 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT25

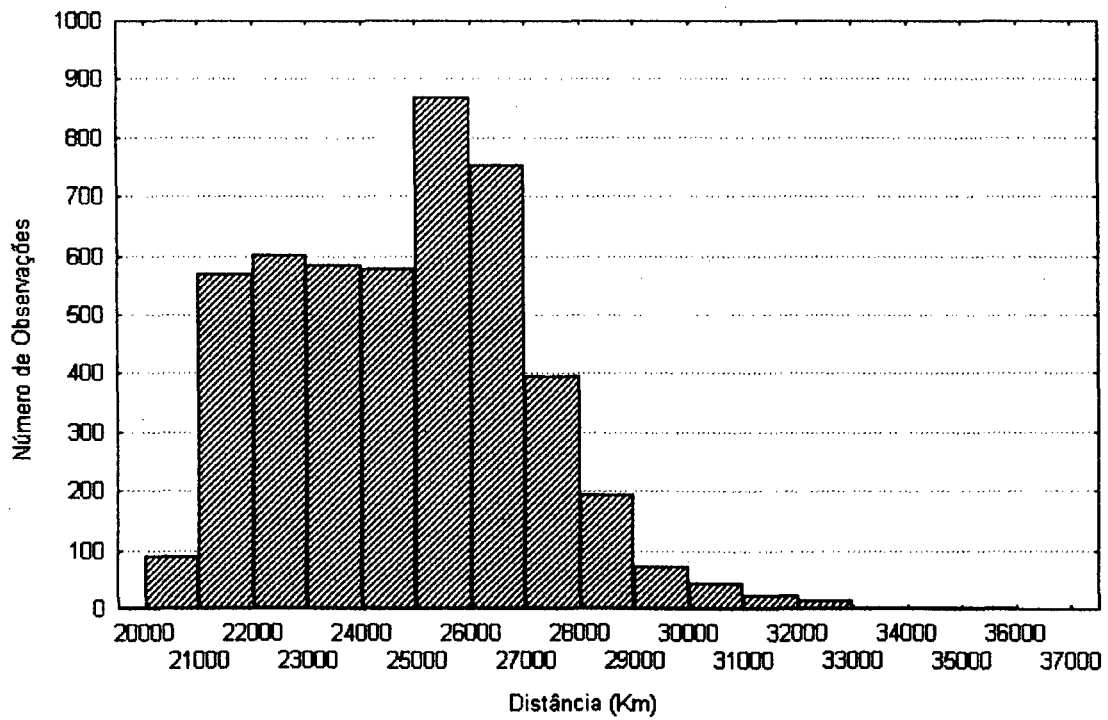


Figura E.24 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT25

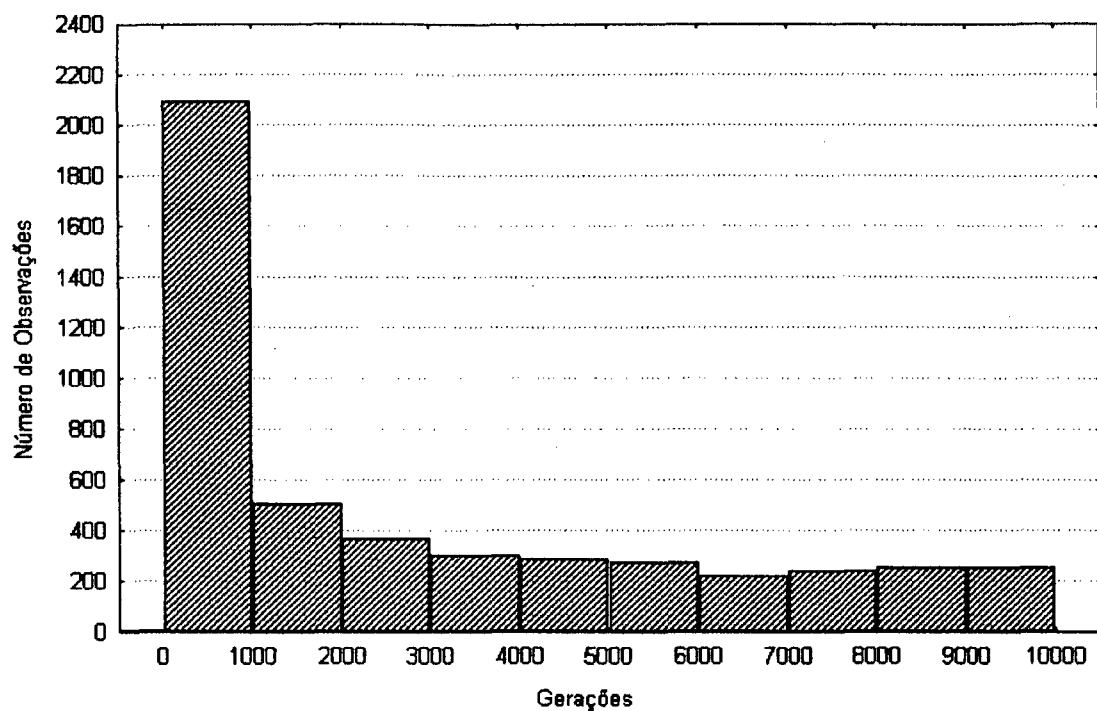


Figura E.25 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT50

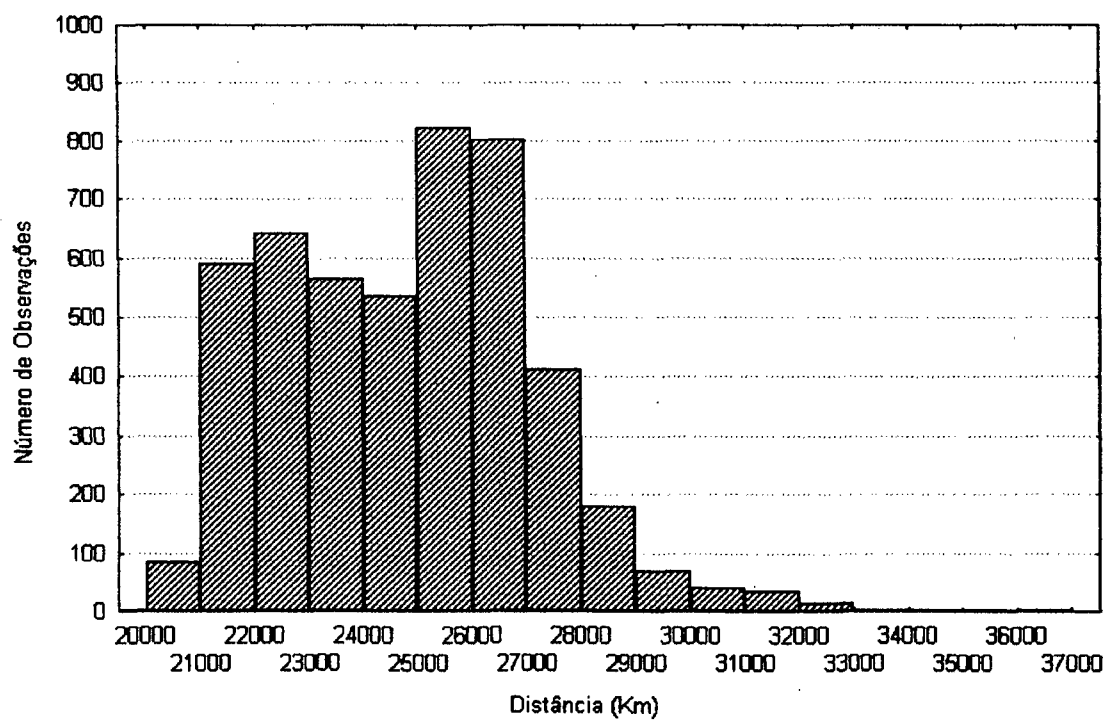


Figura E.26 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT50

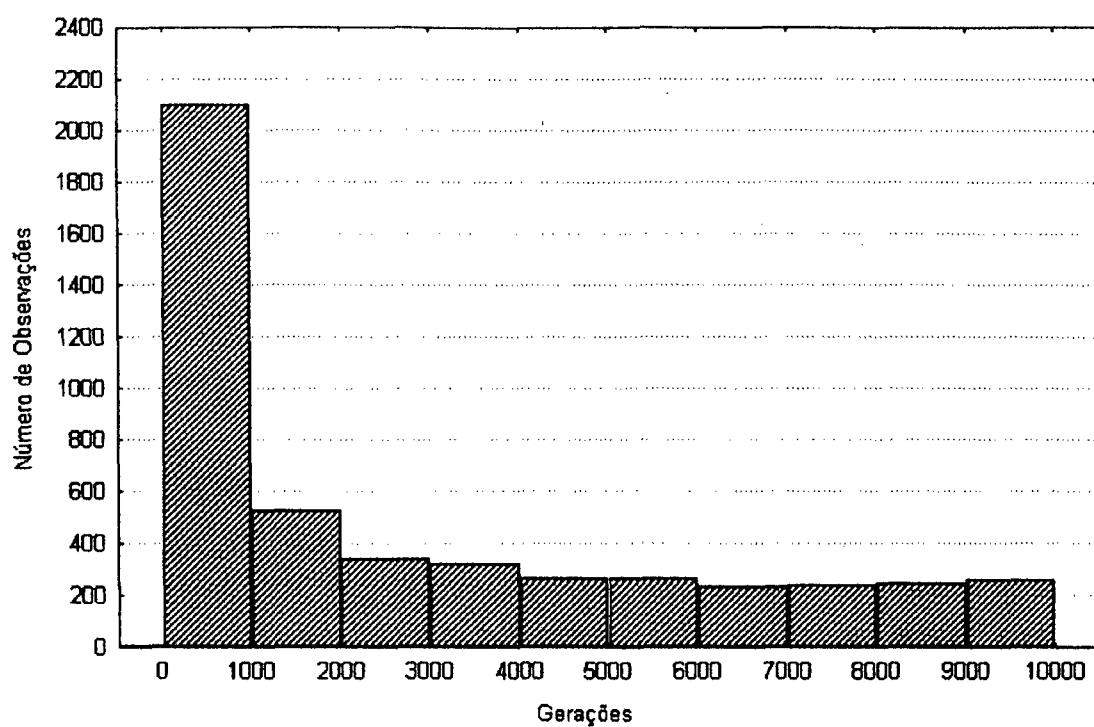


Figura E.27 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT75

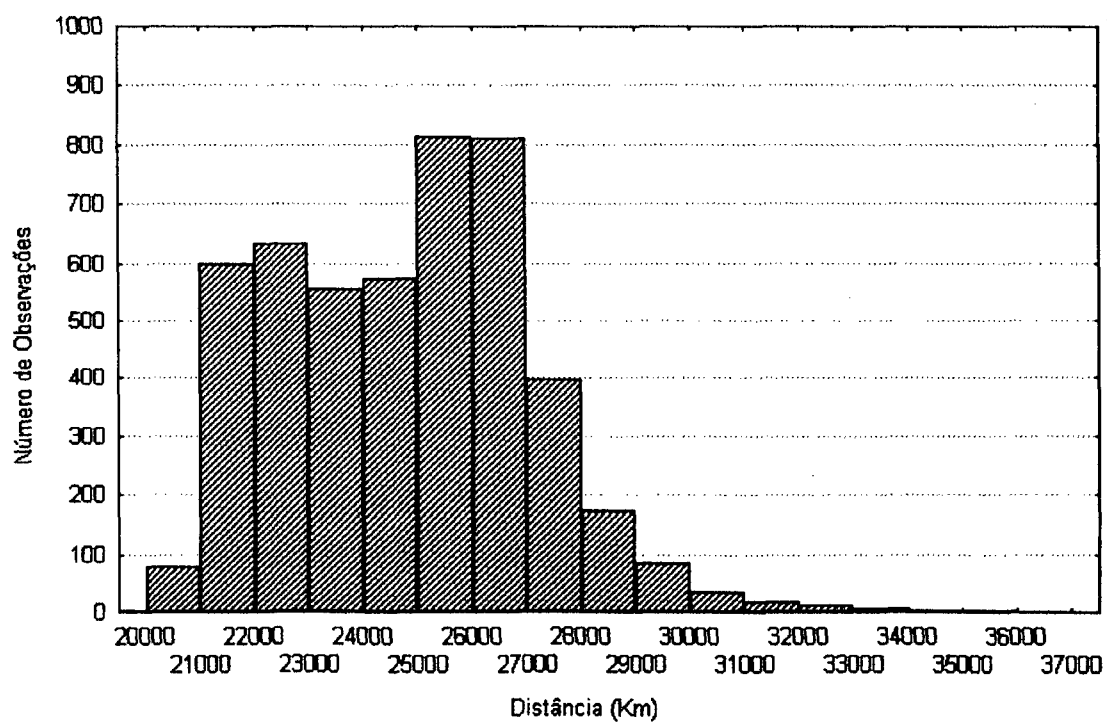


Figura E.28 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia TFT75

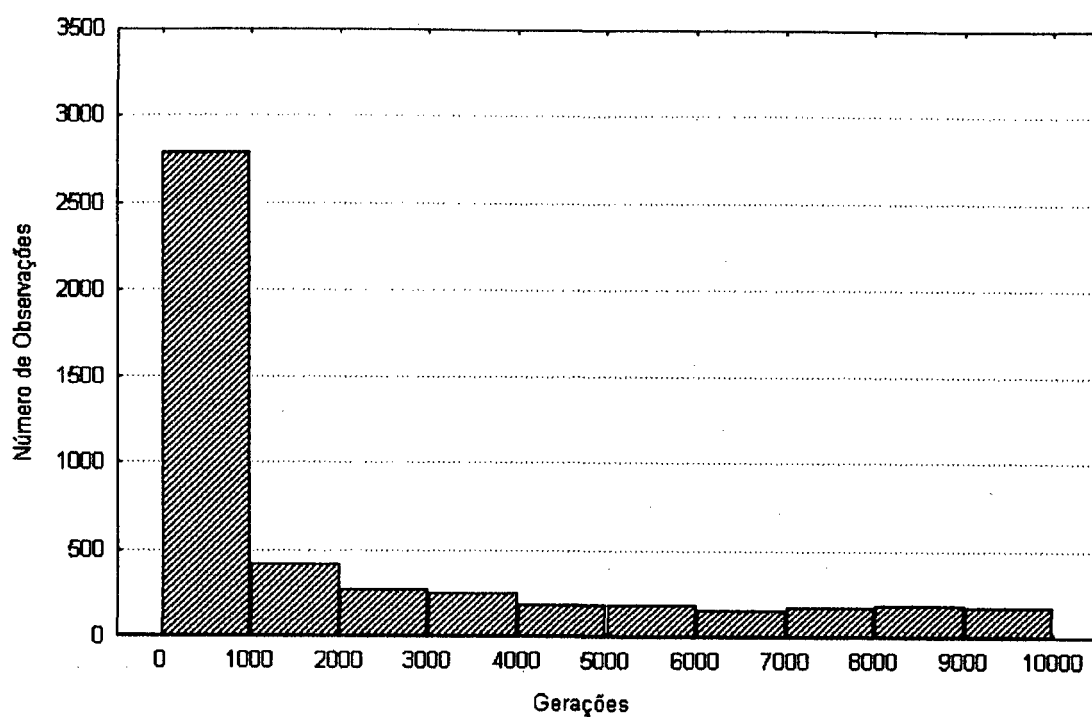


Figura E.29 – Histograma da variável Geração pelo método RHDSA utilizando a estratégia Misto

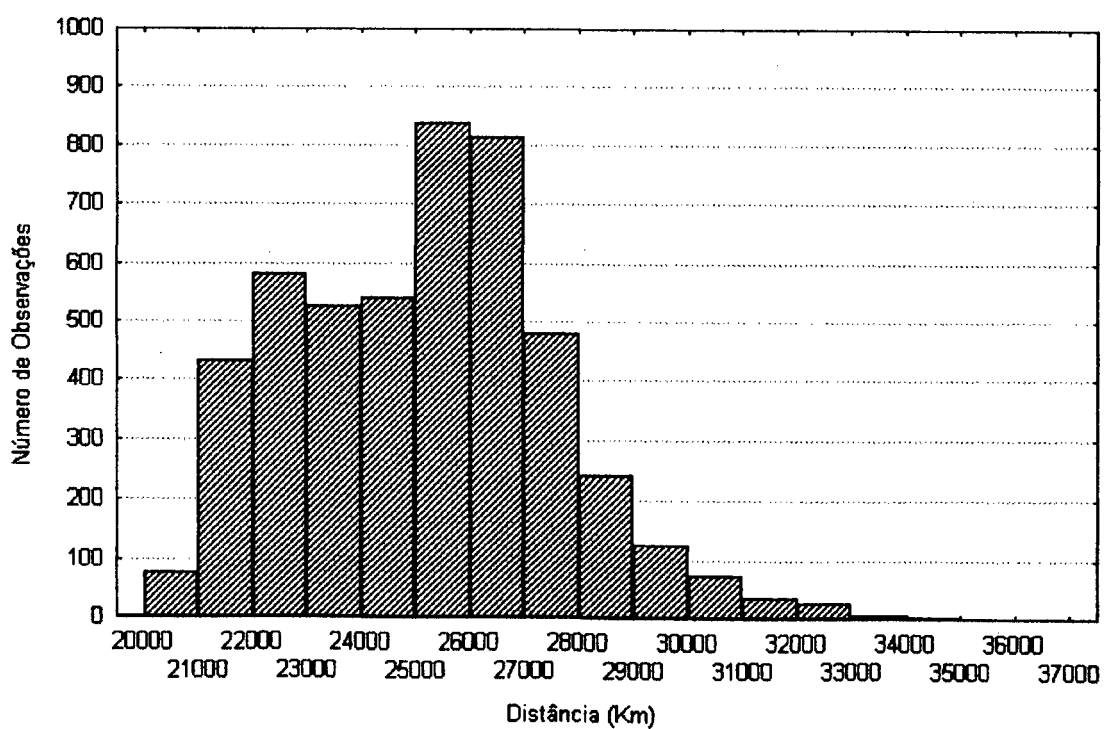


Figura E.30 – Histograma da variável Distância pelo método RHDSA utilizando a estratégia Misto

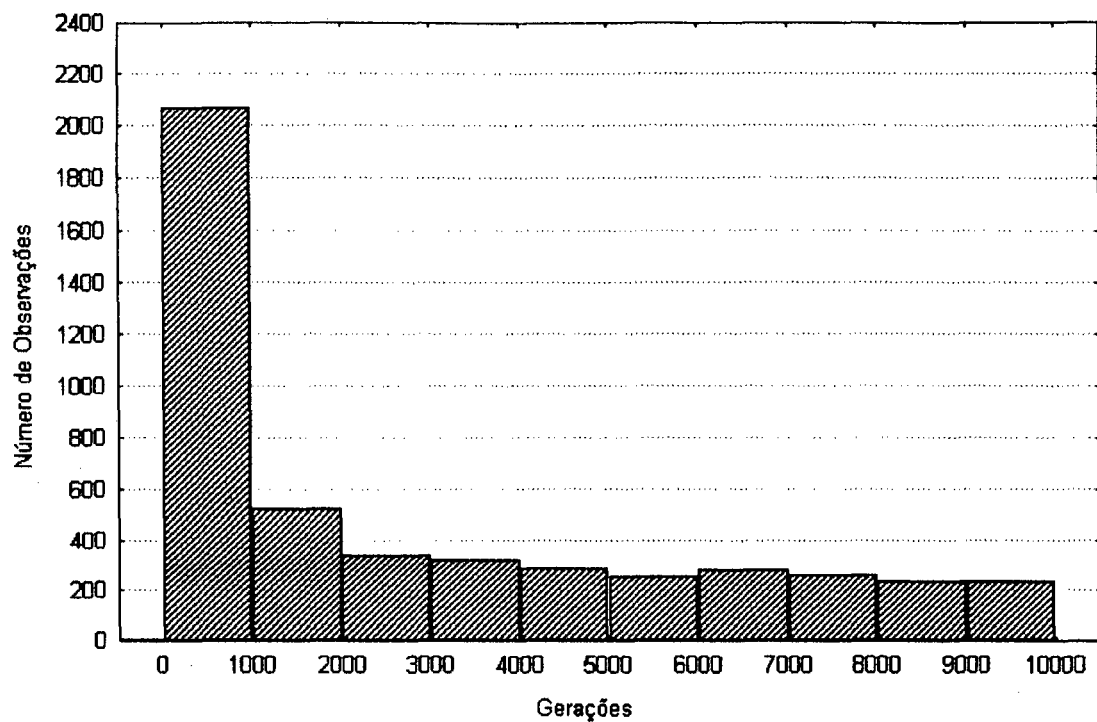


Figura E.31 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Aleatório

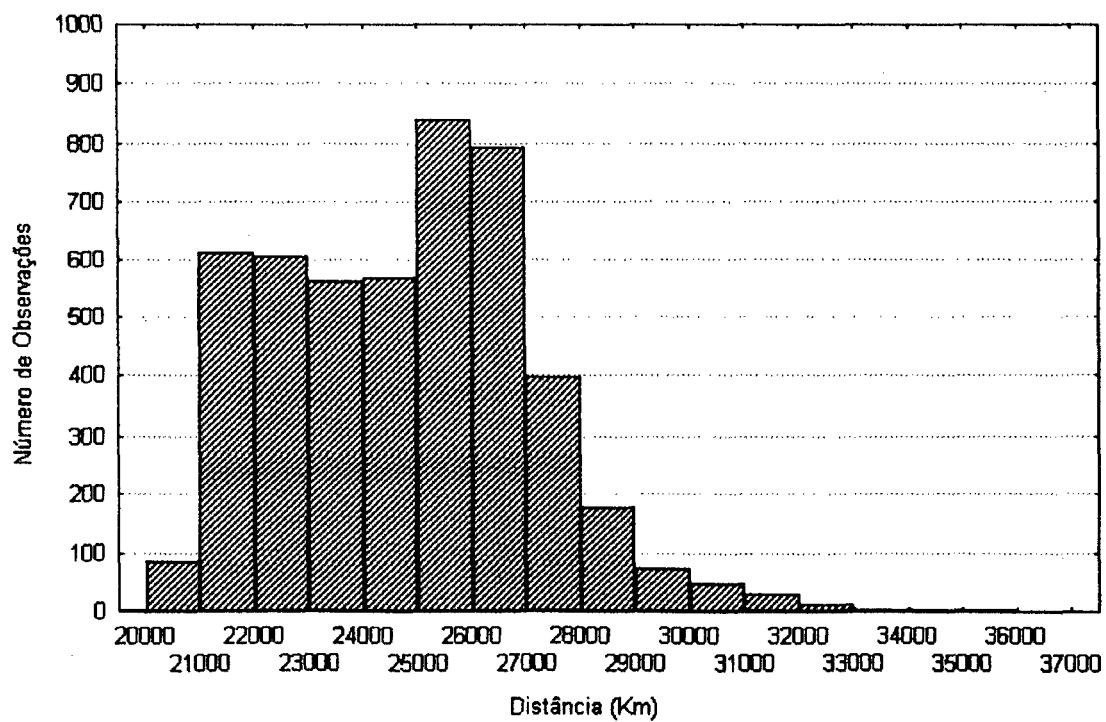


Figura E.32 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Aleatório

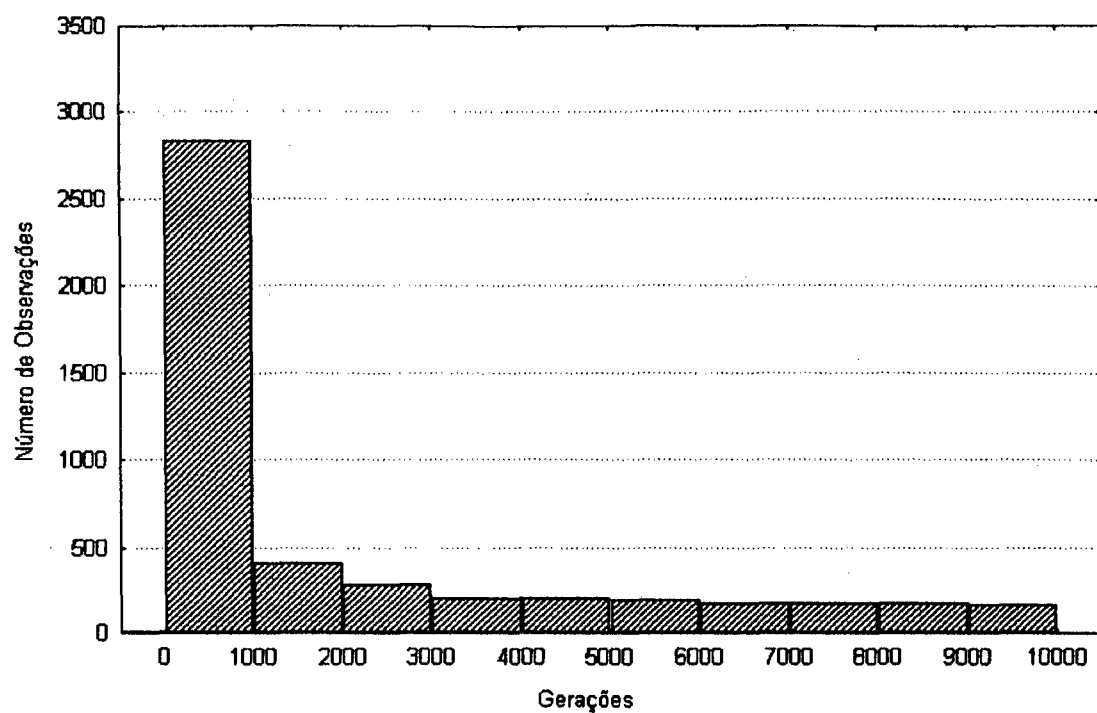


Figura E.33 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Hawk

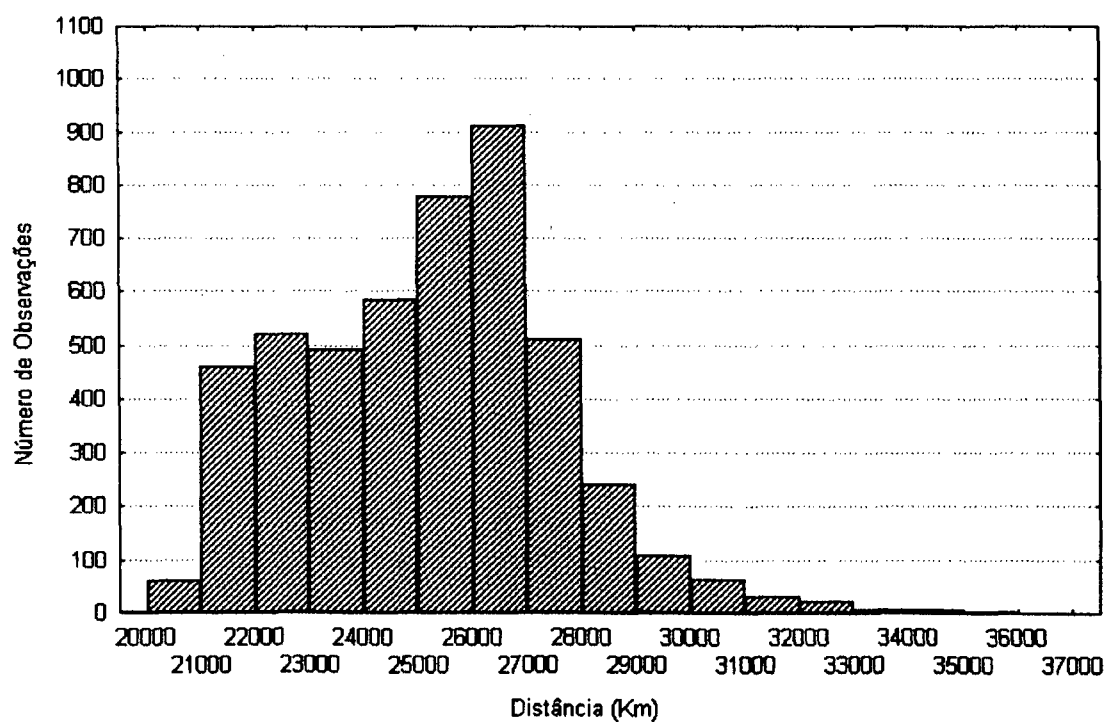


Figura E.34 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Hawk

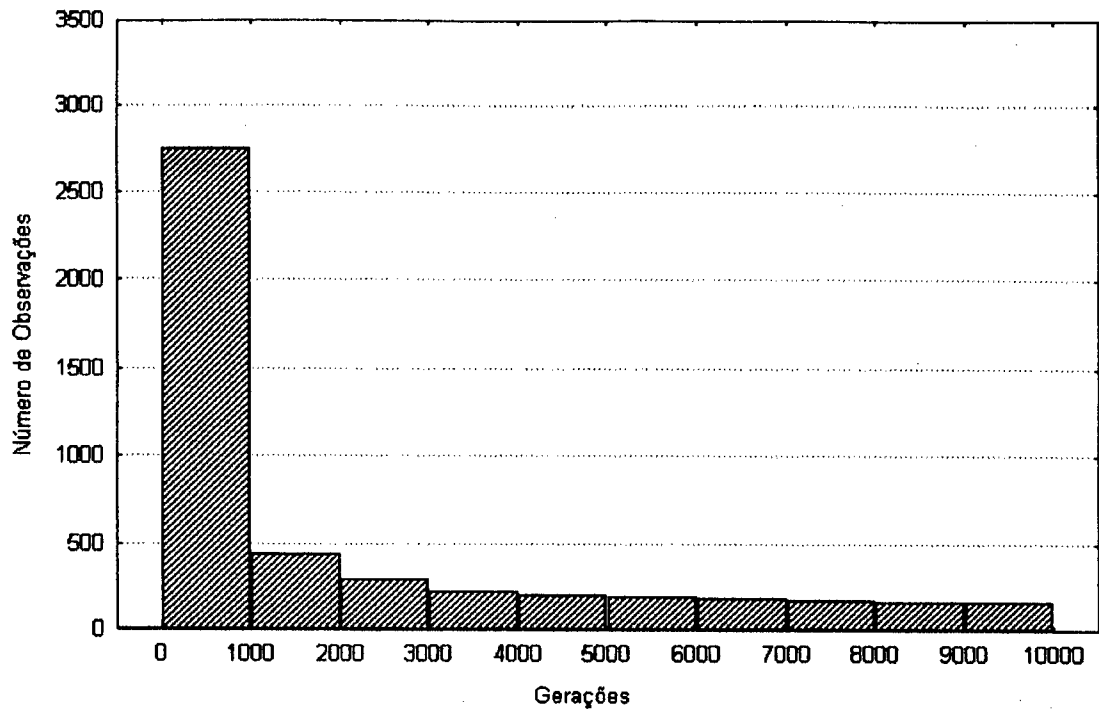


Figura E.35 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Dove

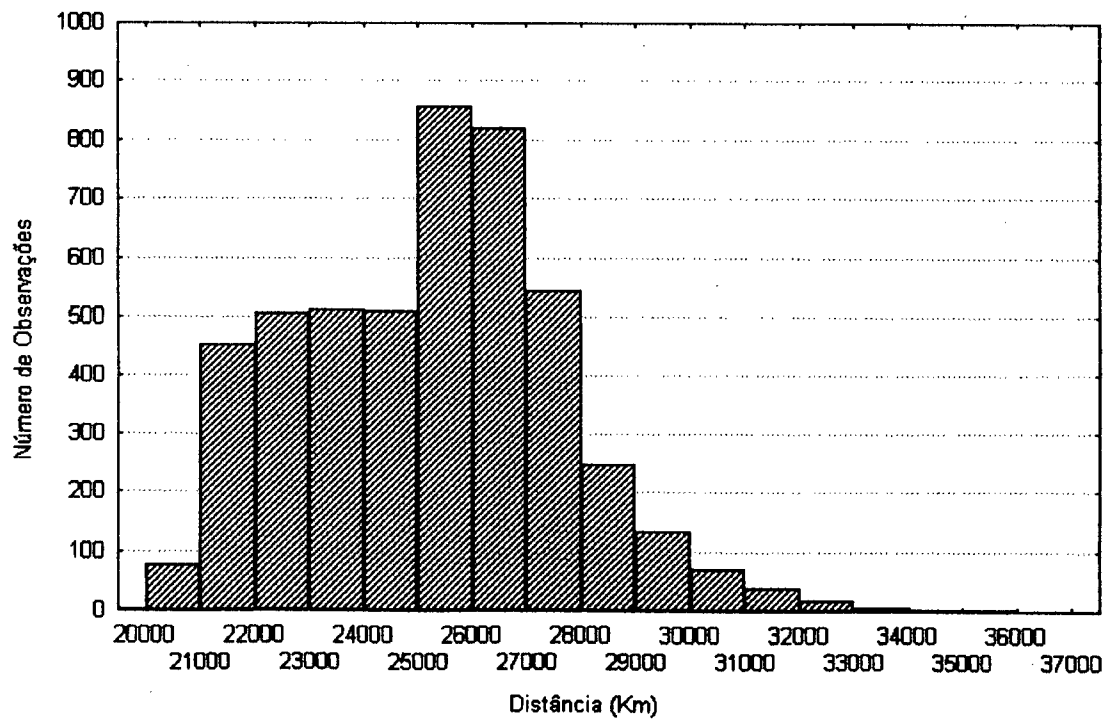


Figura E.36 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Dove

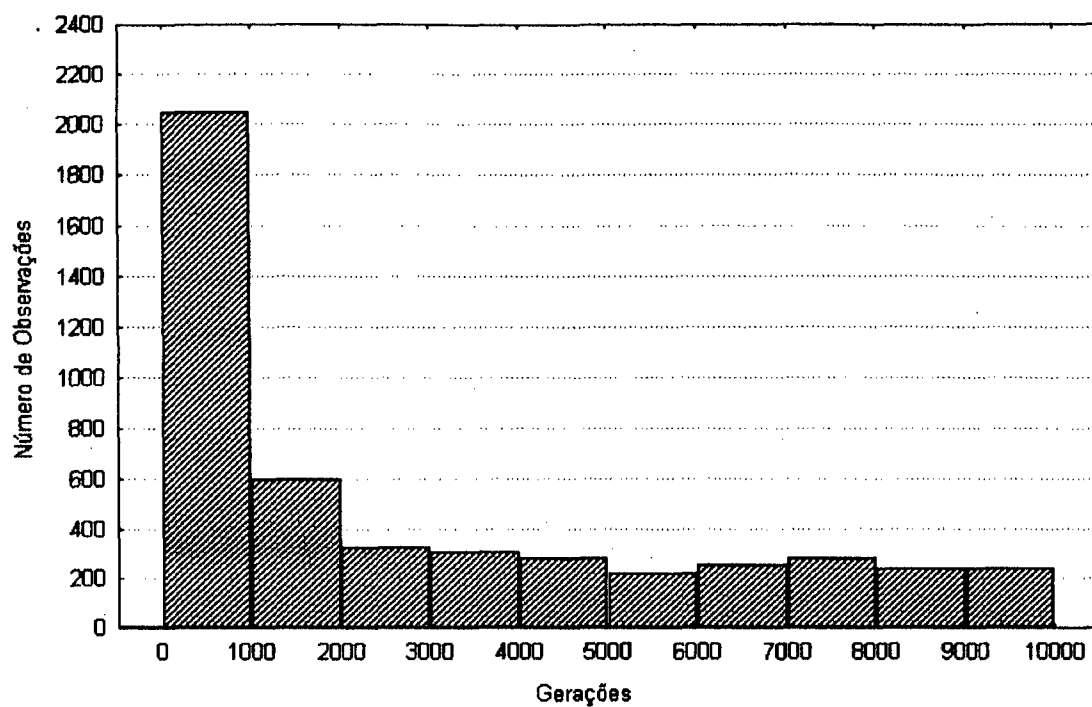


Figura E.37 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT25

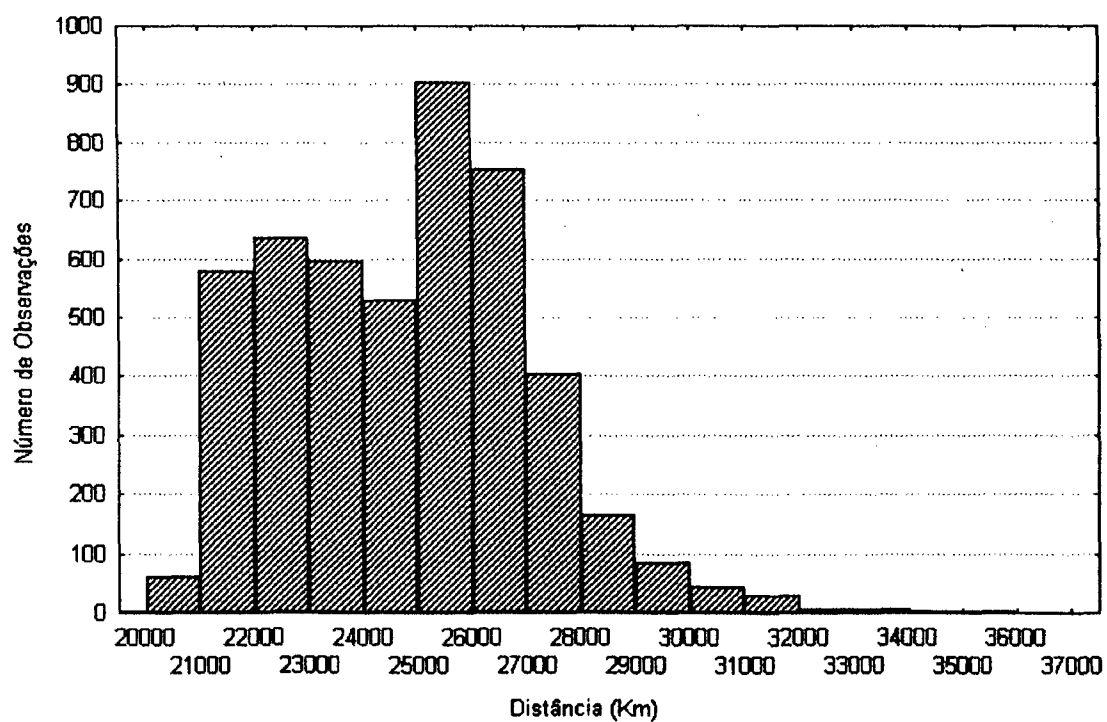


Figura E.38 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT25

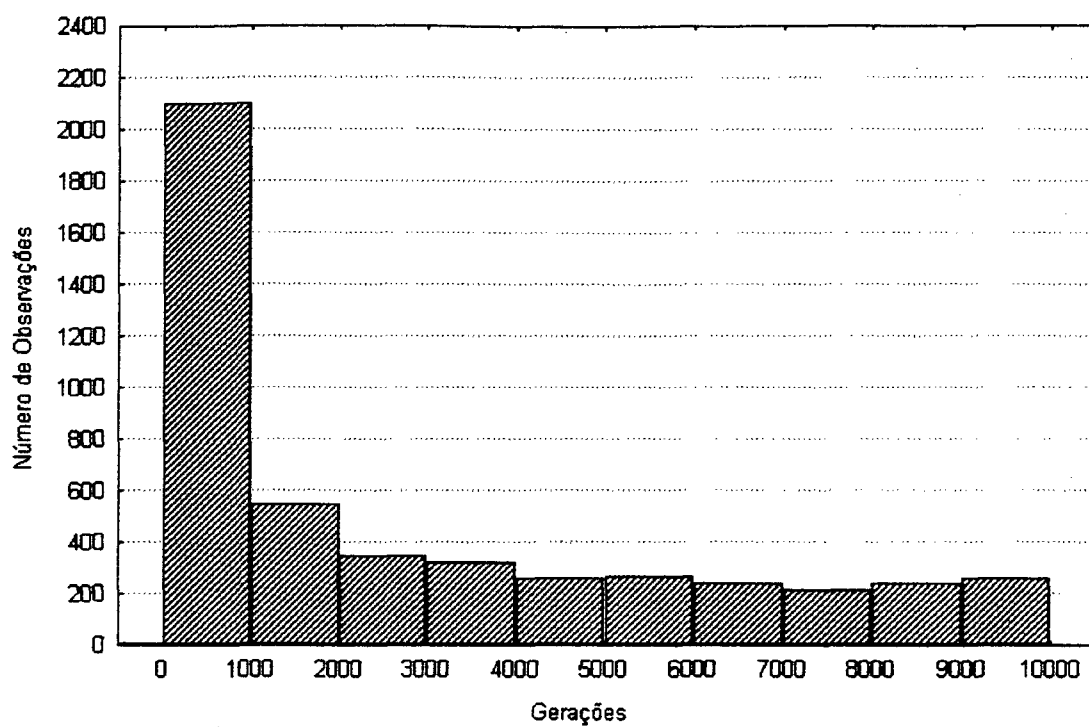


Figura E.39 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT50

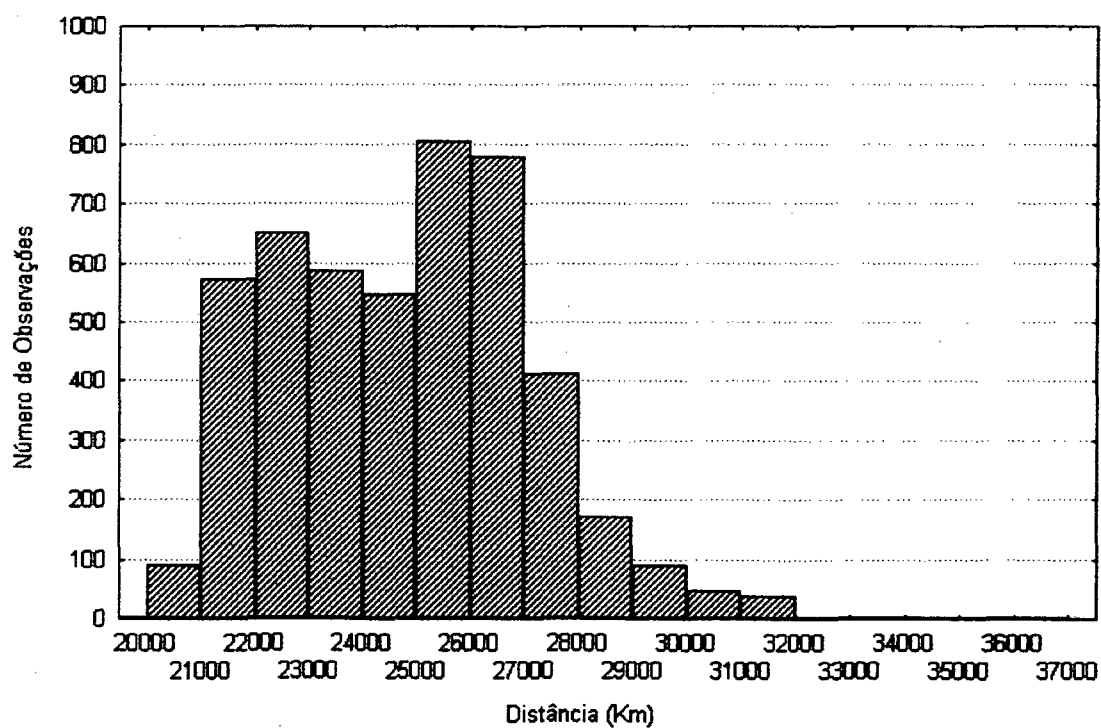


Figura E.40 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT50

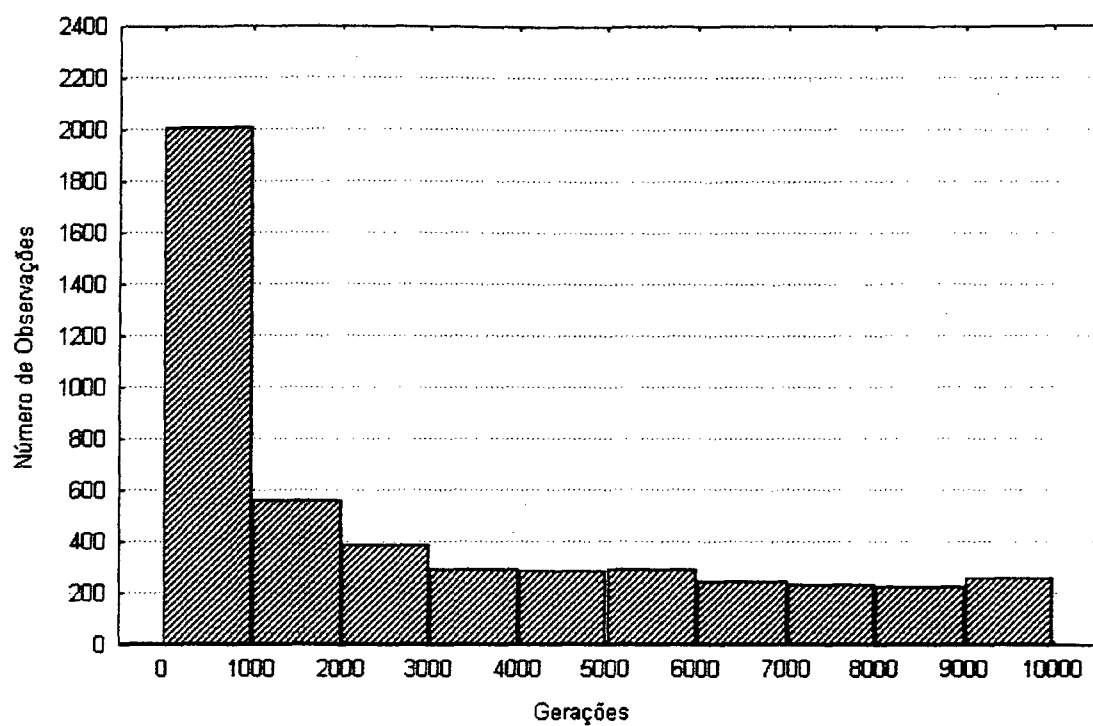


Figura E.41 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT75

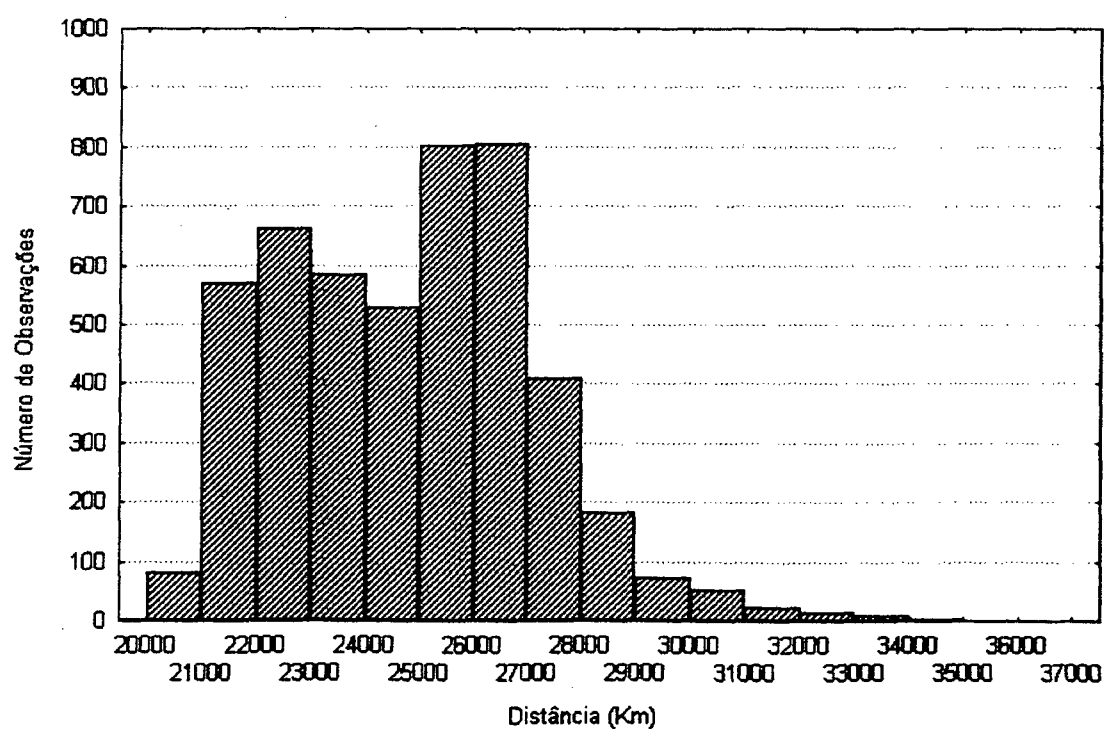


Figura E.42 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia TFT75

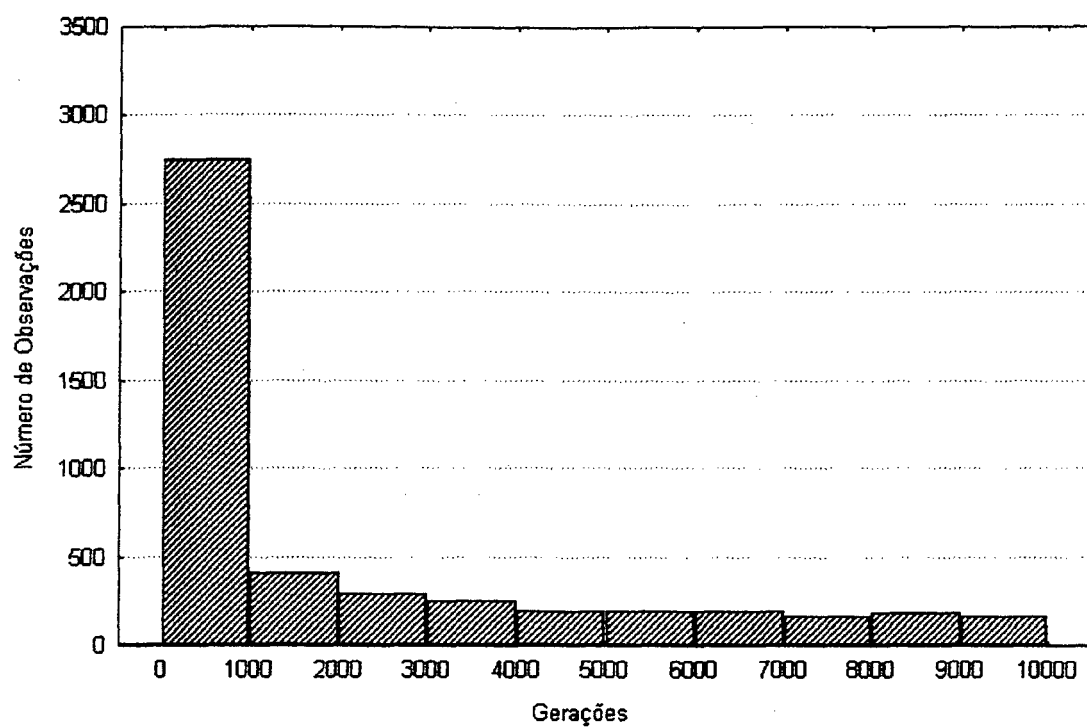


Figura E.43 – Histograma da variável Geração pelo método RHDCA utilizando a estratégia Misto

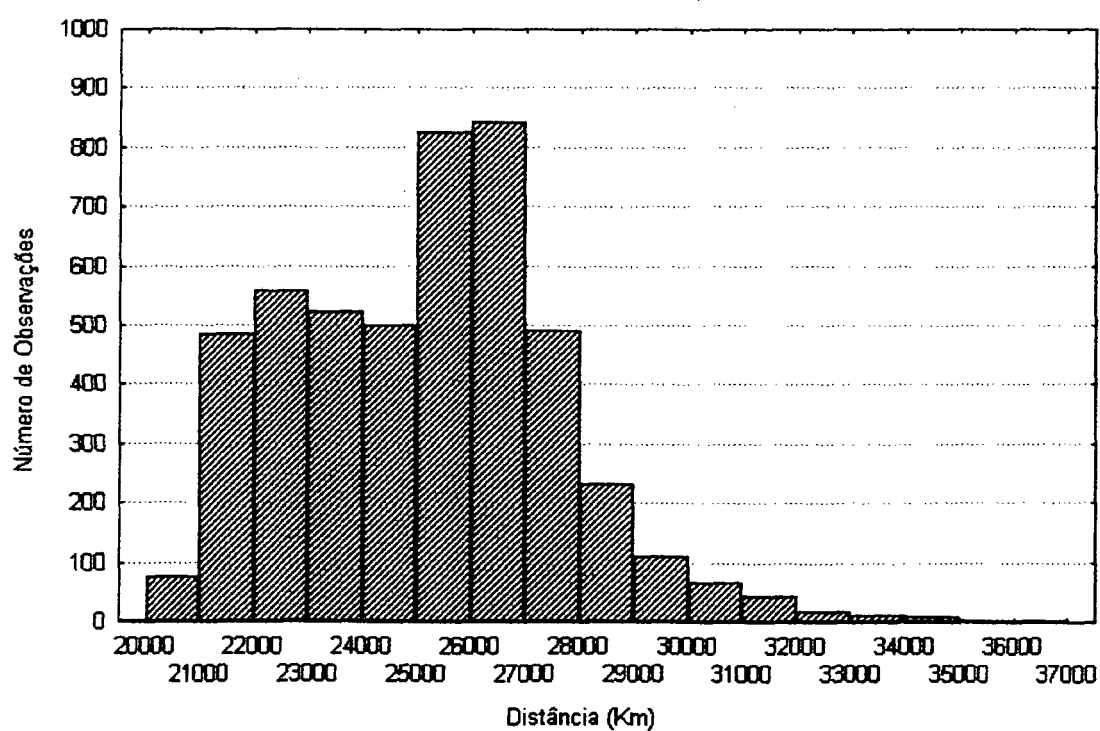


Figura E.44 – Histograma da variável Distância pelo método RHDCA utilizando a estratégia Misto

ANEXO F

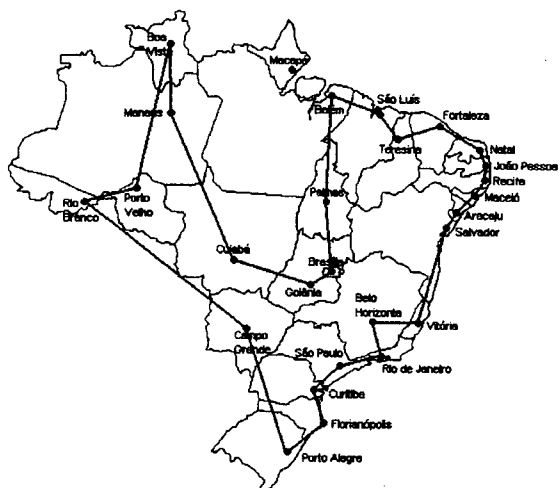


Figura F.1 – Rota 1 (20.409 Km)

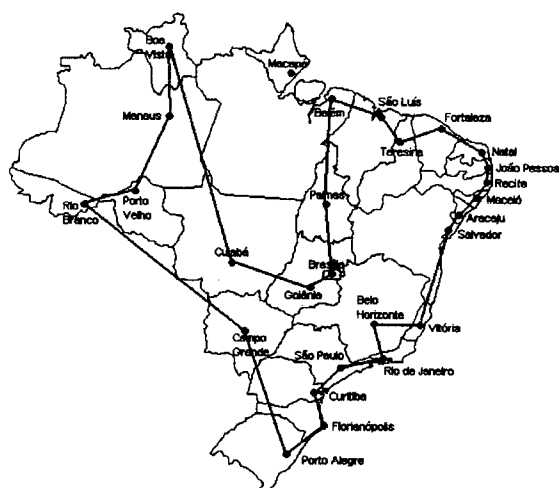


Figura F.2 – Rota 2 (20.409 Km)



Figura F.3 – Rota 3 (20.409 Km)

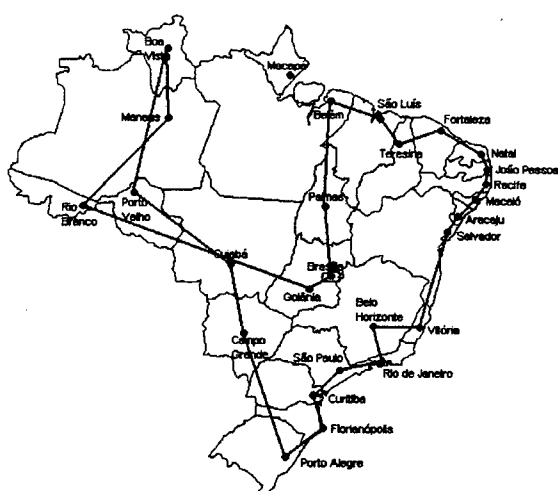


Figura F.4 – Rota 4 (20.409 Km)

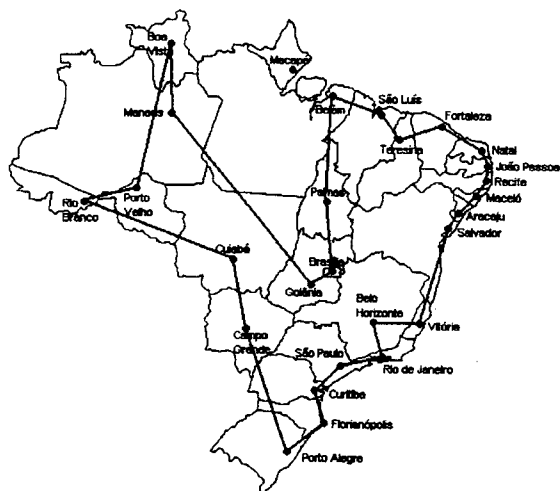


Figura F.5 – Rota 5 (20.409 Km)

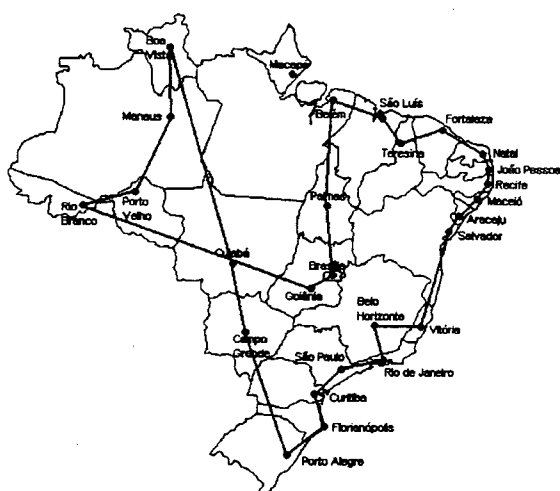


Figura F.6 – Rota 6 (20.409 Km)

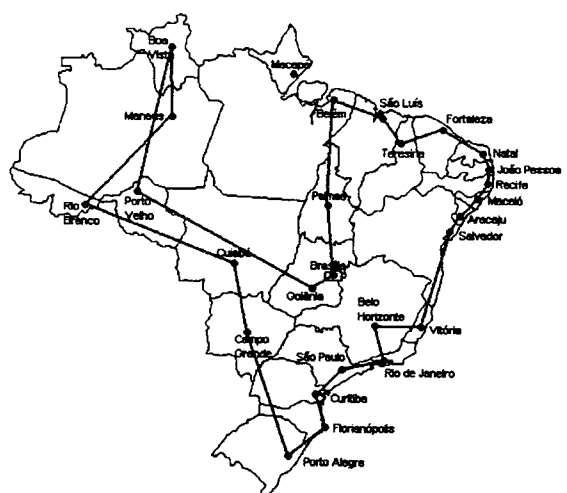


Figura F.7 – Rota 7 (20.409 Km)

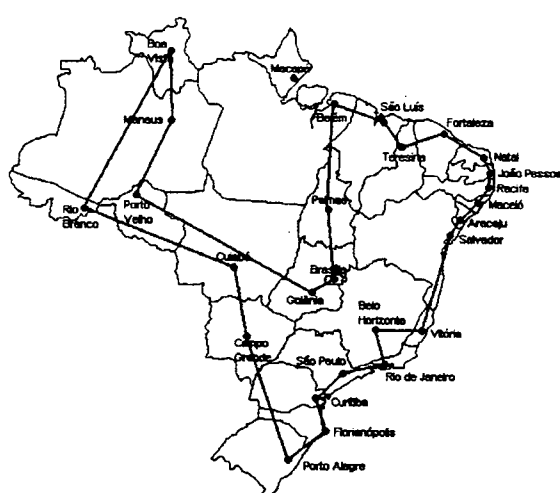


Figura F.8 – Rota 8 (20.409 Km)

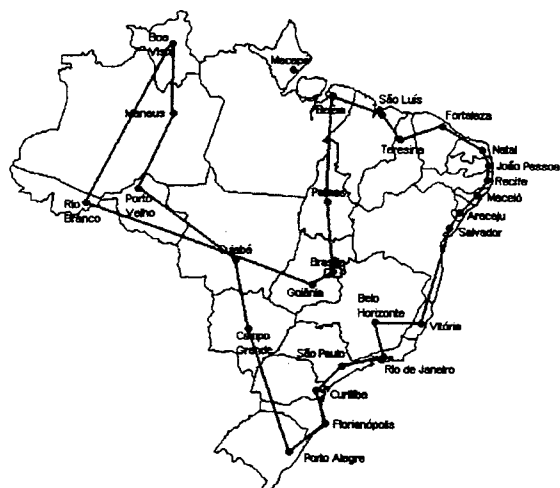


Figura F.9 – Rota 9 (20.409 Km)

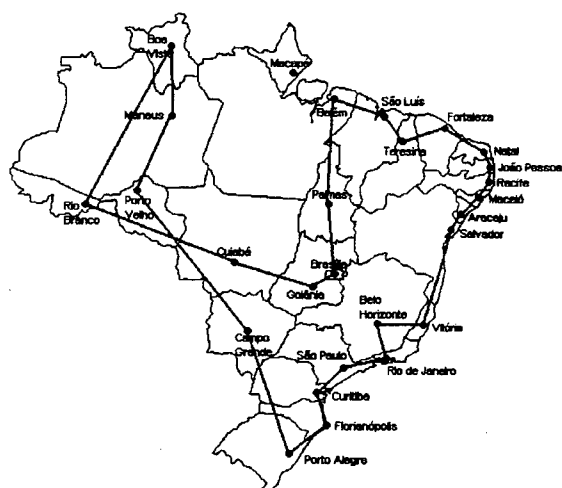


Figura F.10 – Rota 10 (20.409 Km)



Figura F.11 – Rota 11 (20.409 Km)

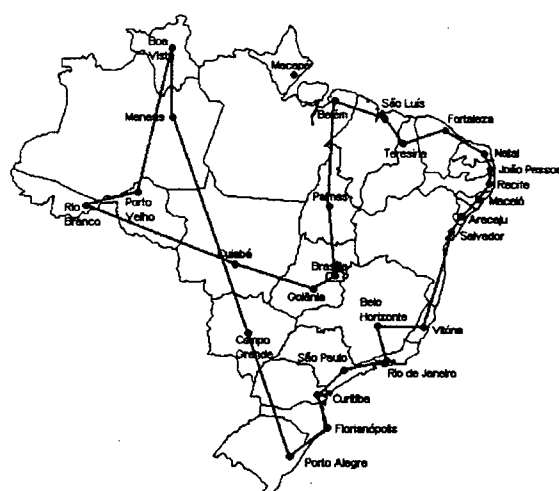


Figura F.12 -- Rota 12 (20.409 Km)



Figura F.13 – Rota 13 (20.409 Km)

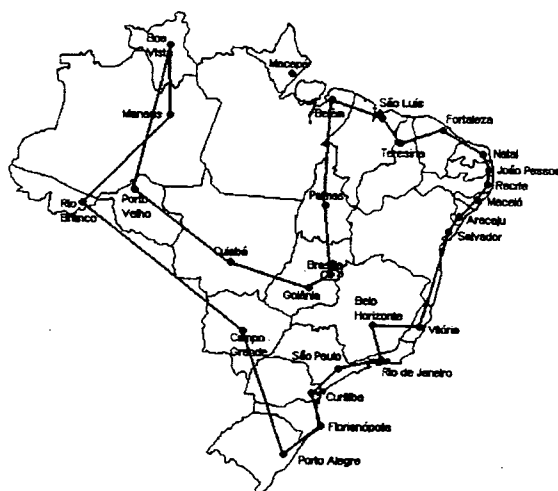


Figura F.14 – Rota 14 (20.409 Km)

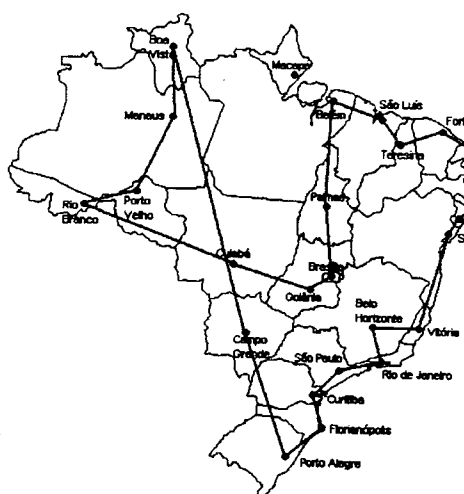


Figura F.15 – Rota 15 (20.409 Km)



Figura F.16 – Rota 16 (20.409 Km)

ANEXO G

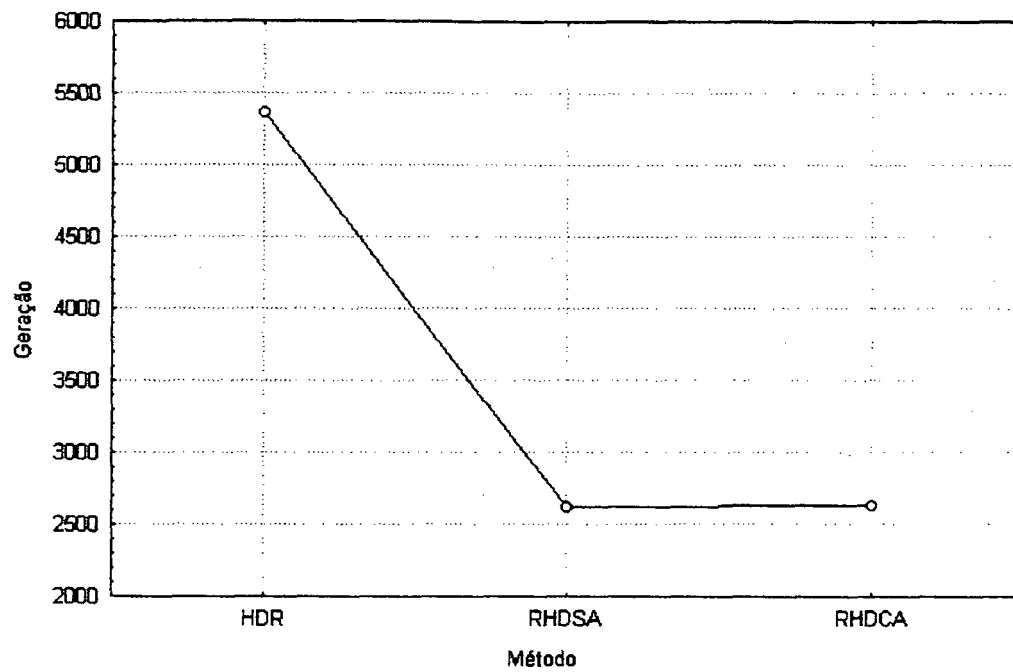


Figura G.1 – Análise do fator Método para a média da Geração

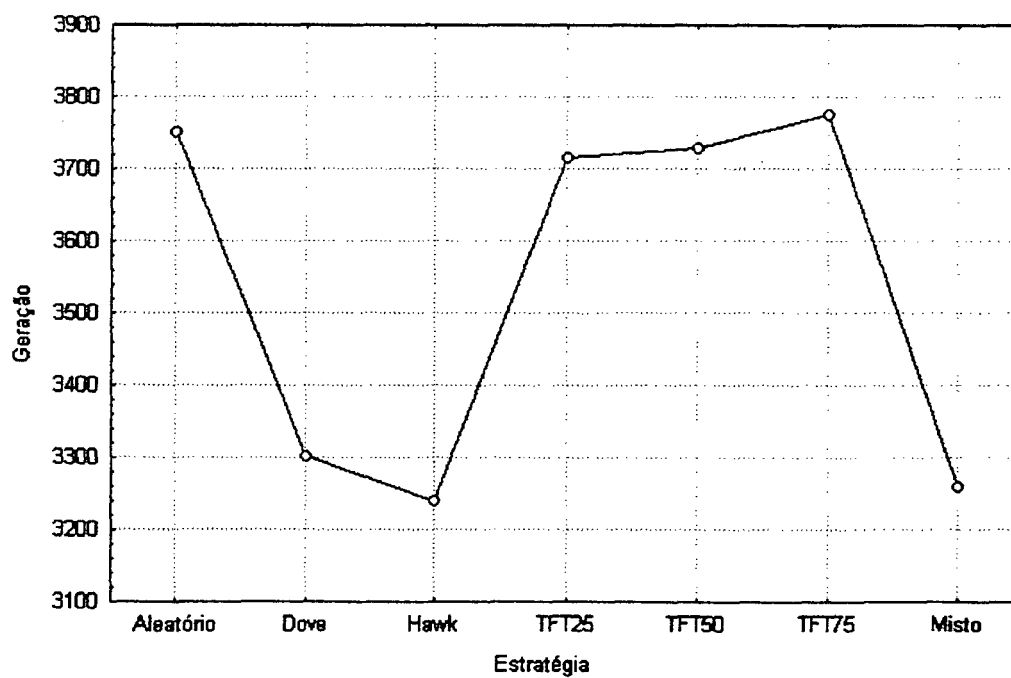


Figura G.2 – Análise do fator Estratégia para a média da Geração

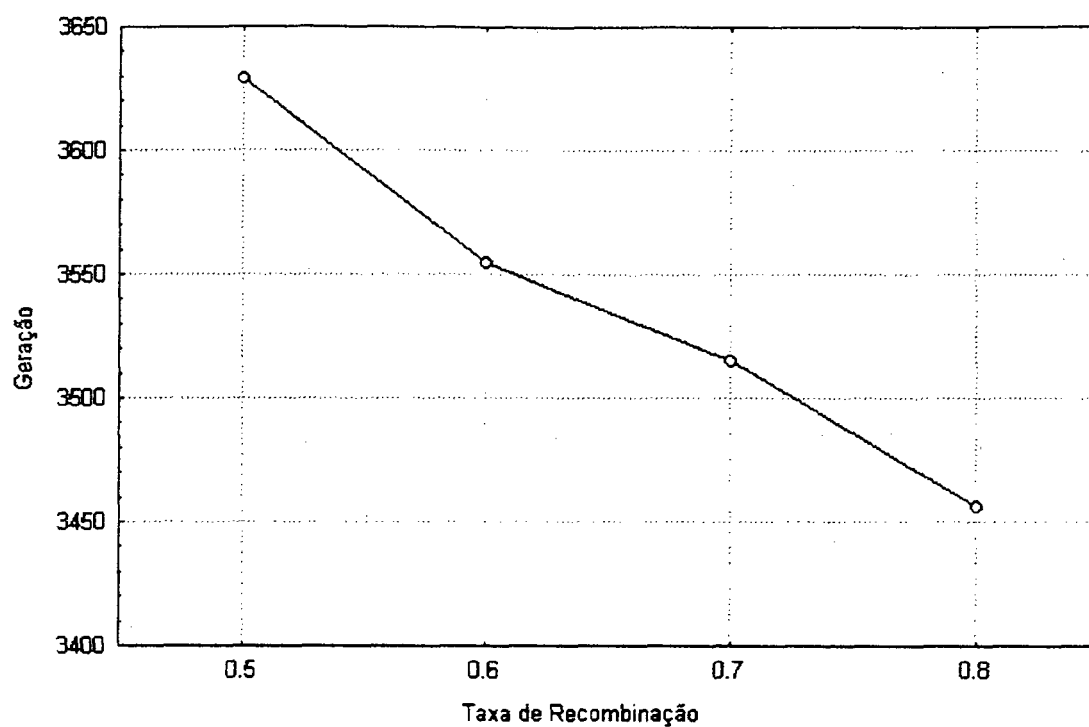


Figura G.3 – Análise do fator Taxa de recombinação para a média da Geração

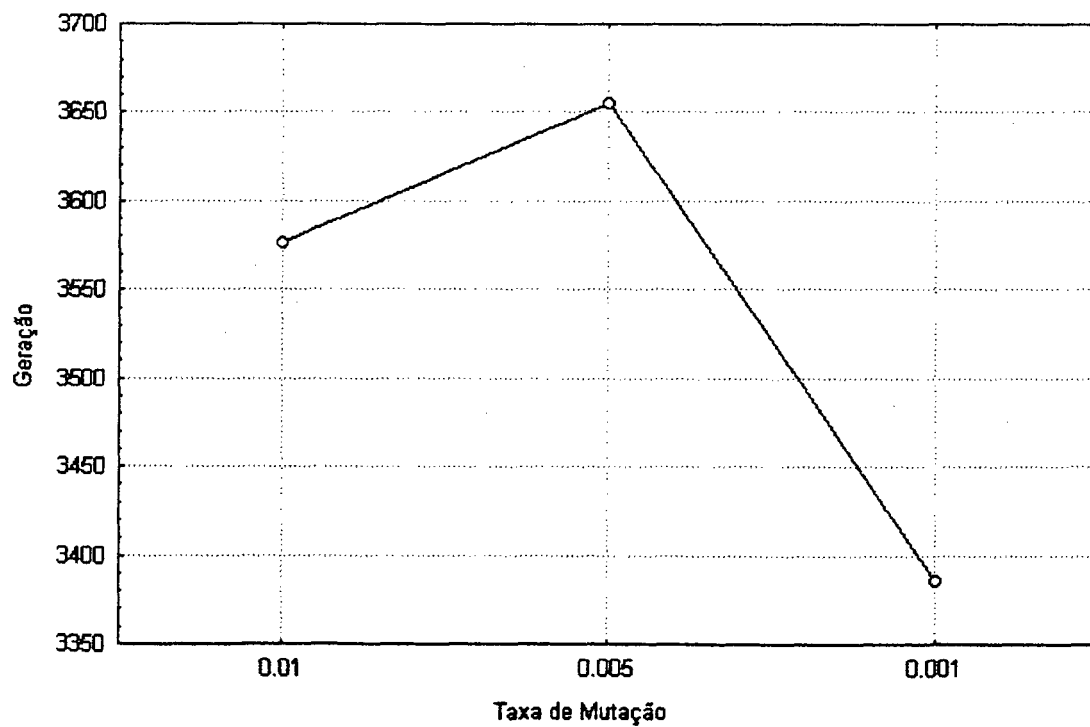


Figura G.4 – Análise do fator Taxa de mutação para a média da Geração

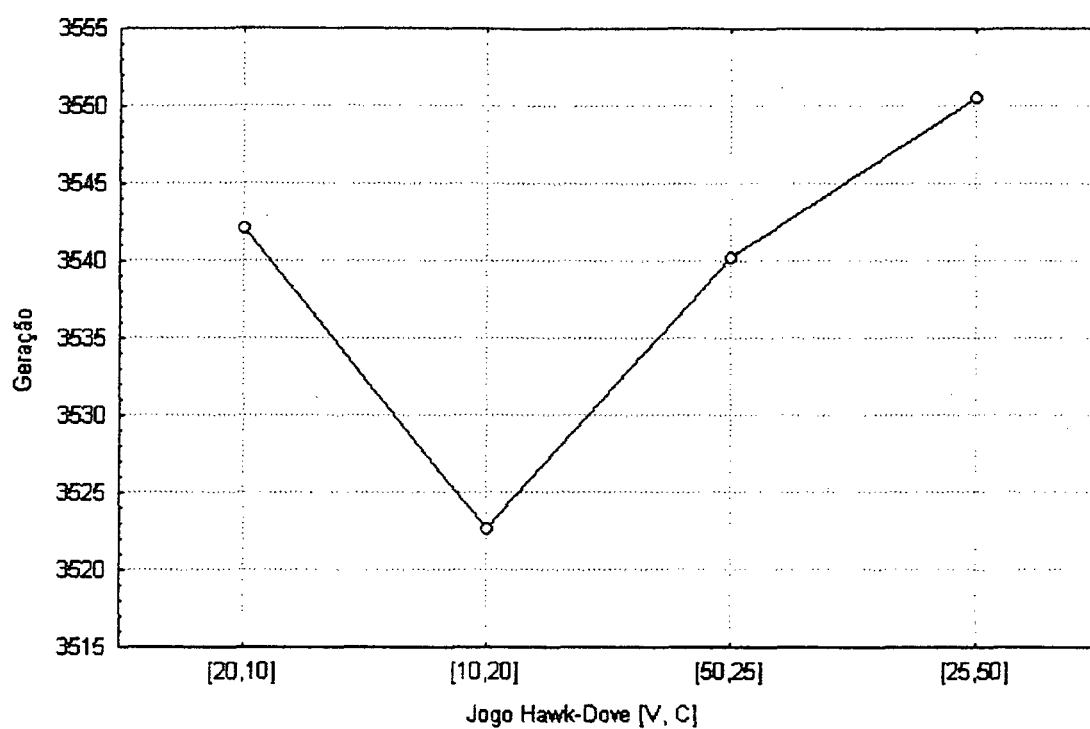


Figura G.5 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para a média da Geração

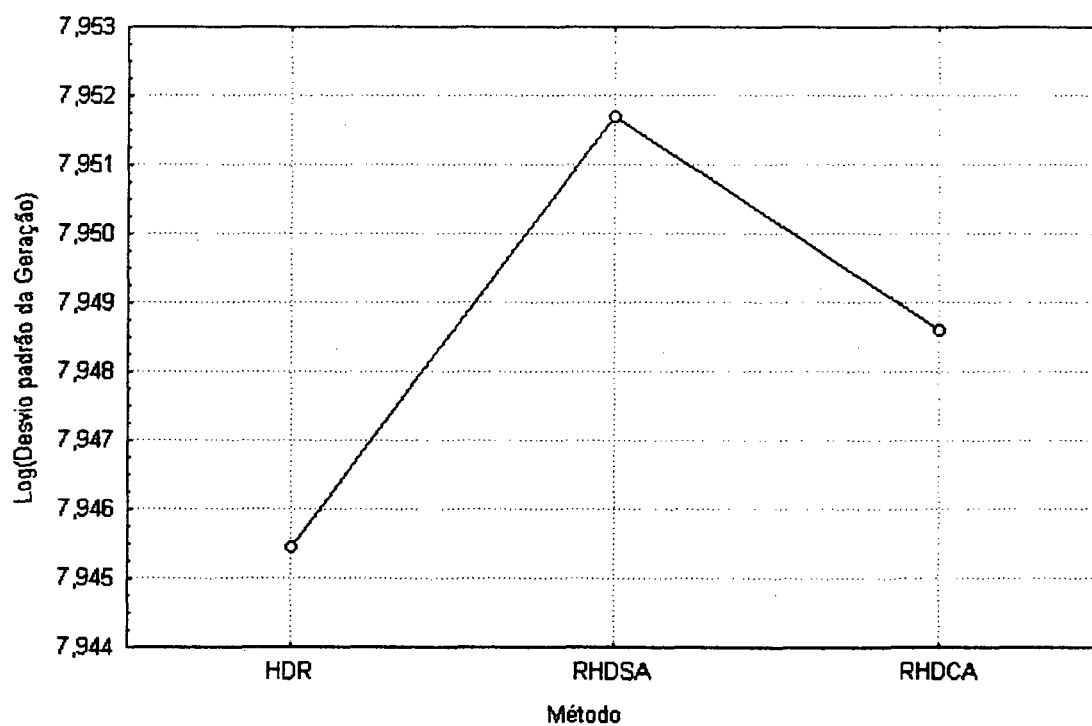


Figura G.6 – Análise do fator Método para o desvio padrão da Geração

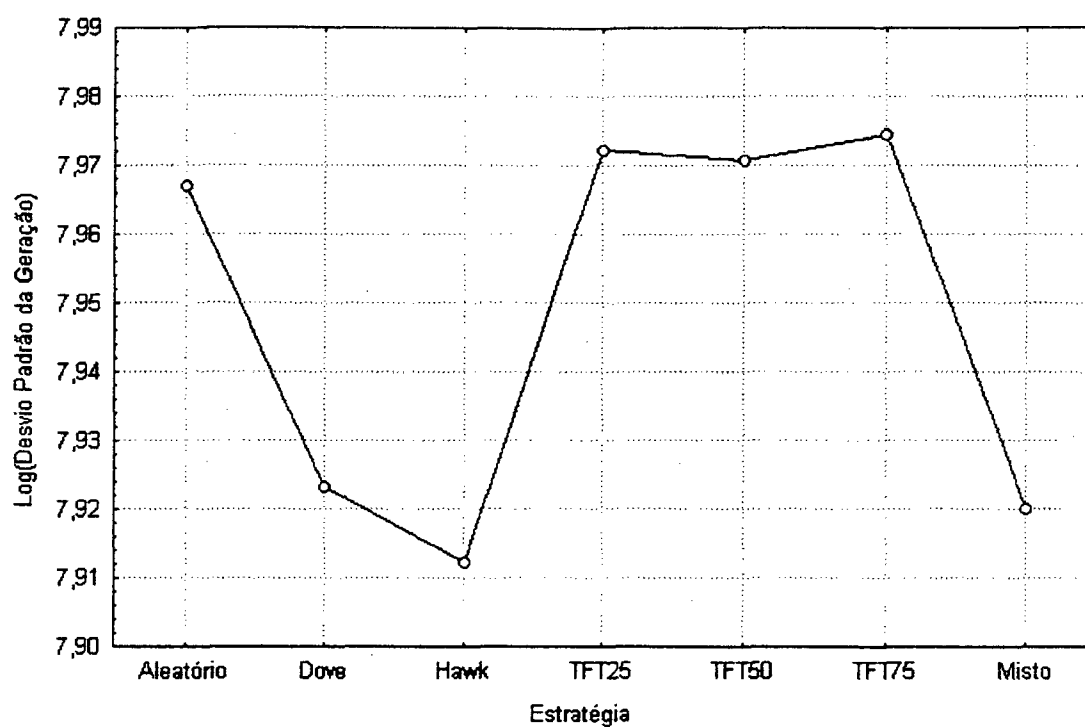


Figura G.7 – Análise do fator Estratégia para o desvio padrão da Geração

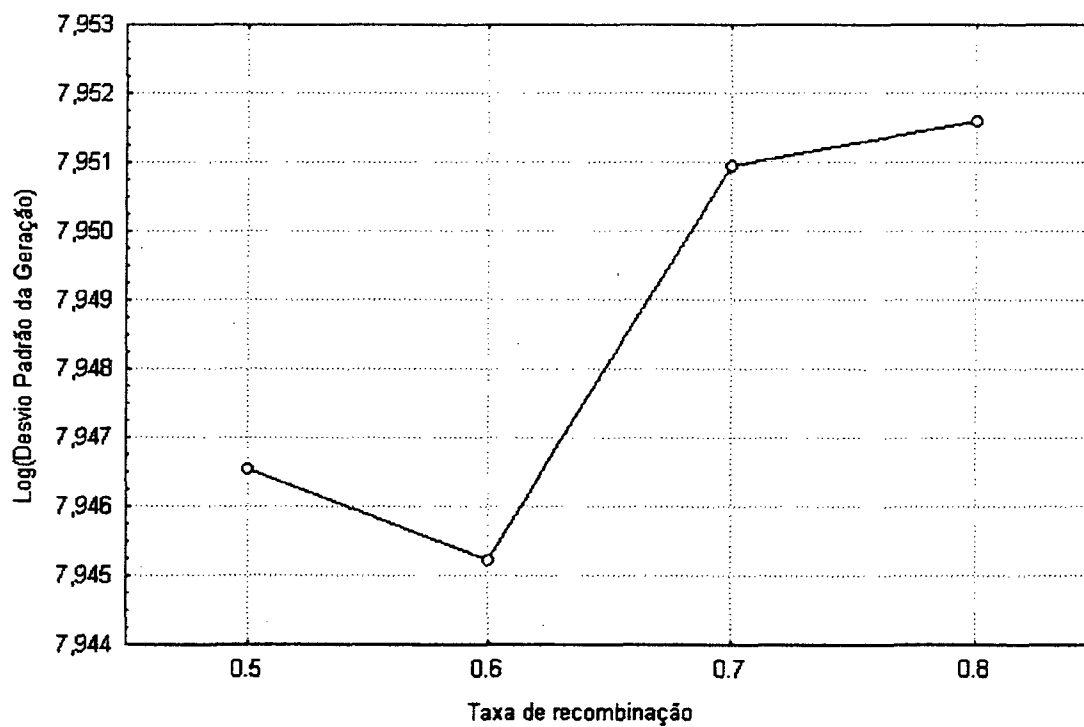


Figura G.8 – Análise do fator taxa de recombinação para o desvio padrão da Geração

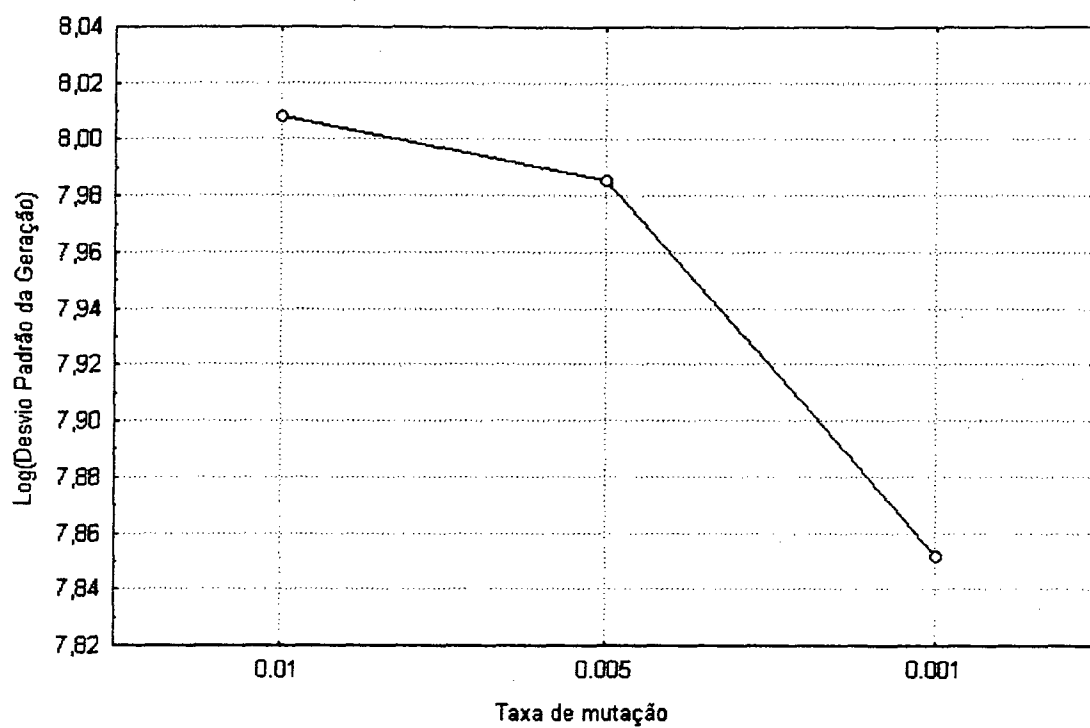


Figura G.9 – Análise do fator Taxa de mutação para o desvio padrão da Geração

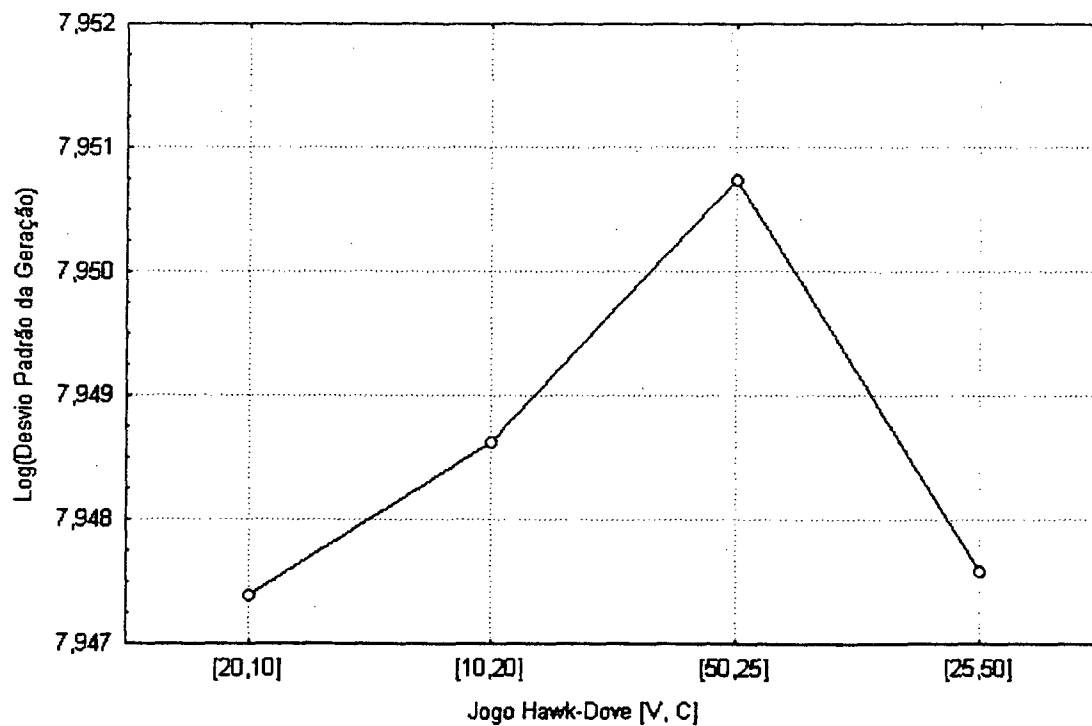


Figura G.10 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para o desvio padrão da Geração

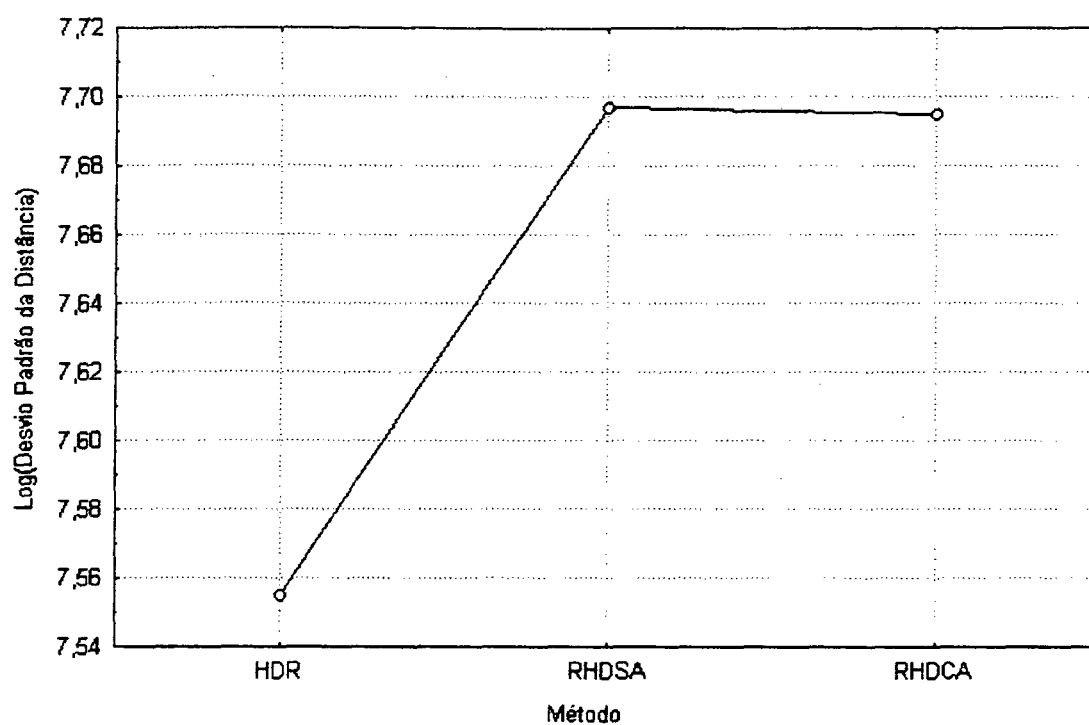


Figura G.11 – Análise do fator Método para o desvio padrão da Distância

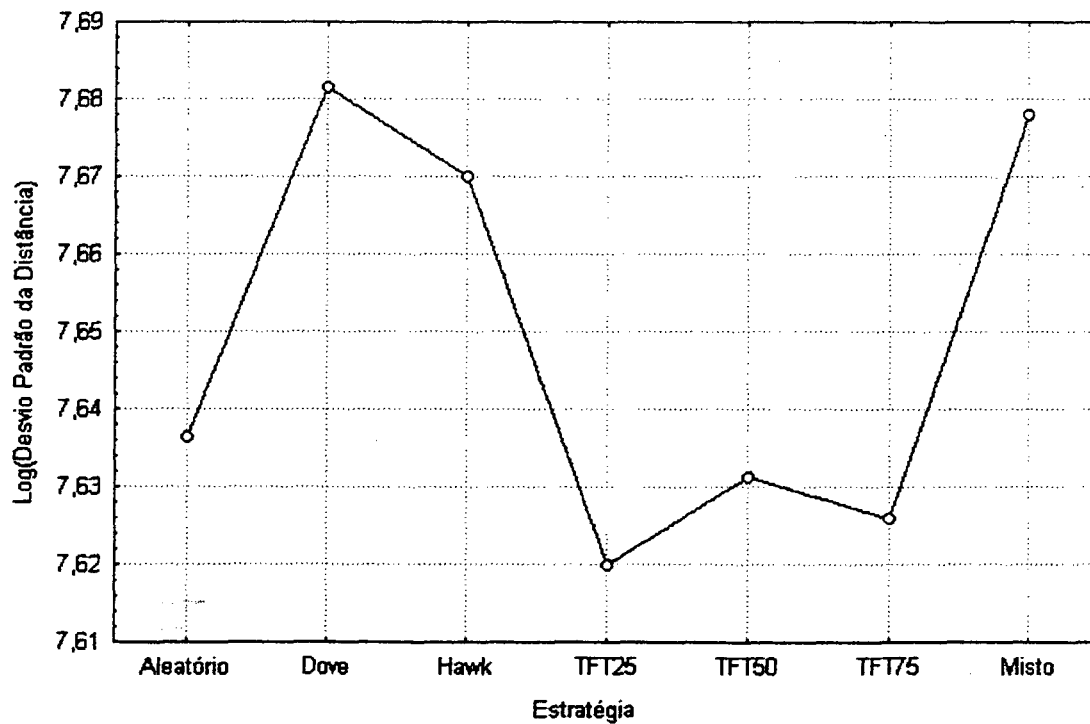


Figura G.12 – Análise do fator Estratégia para o desvio padrão da Distância

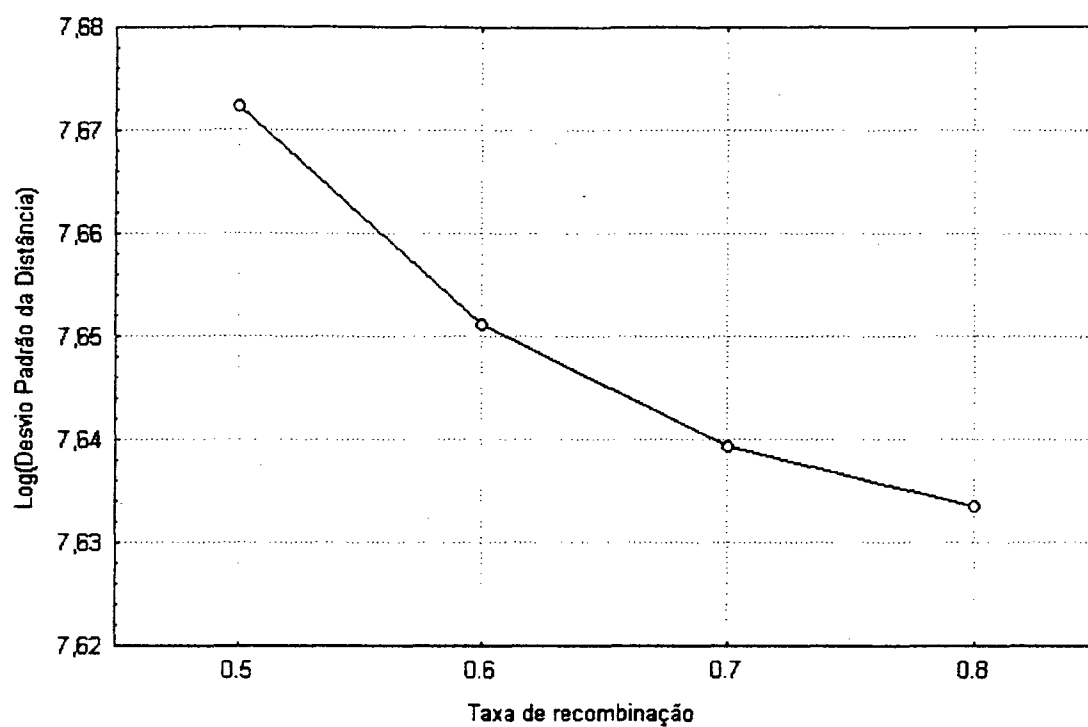


Figura G.13 – Análise do fator Taxa de recombinação para o desvio padrão da Distância

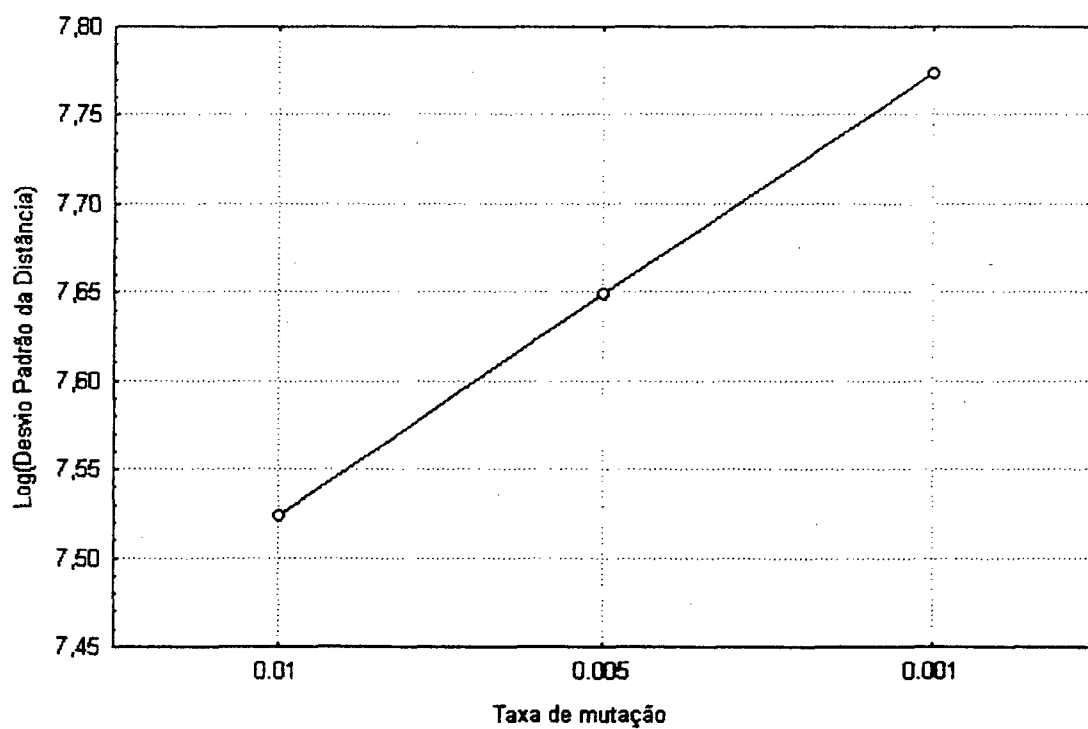


Figura G.14 – Análise do fator Taxa de mutação para o desvio padrão da Distância

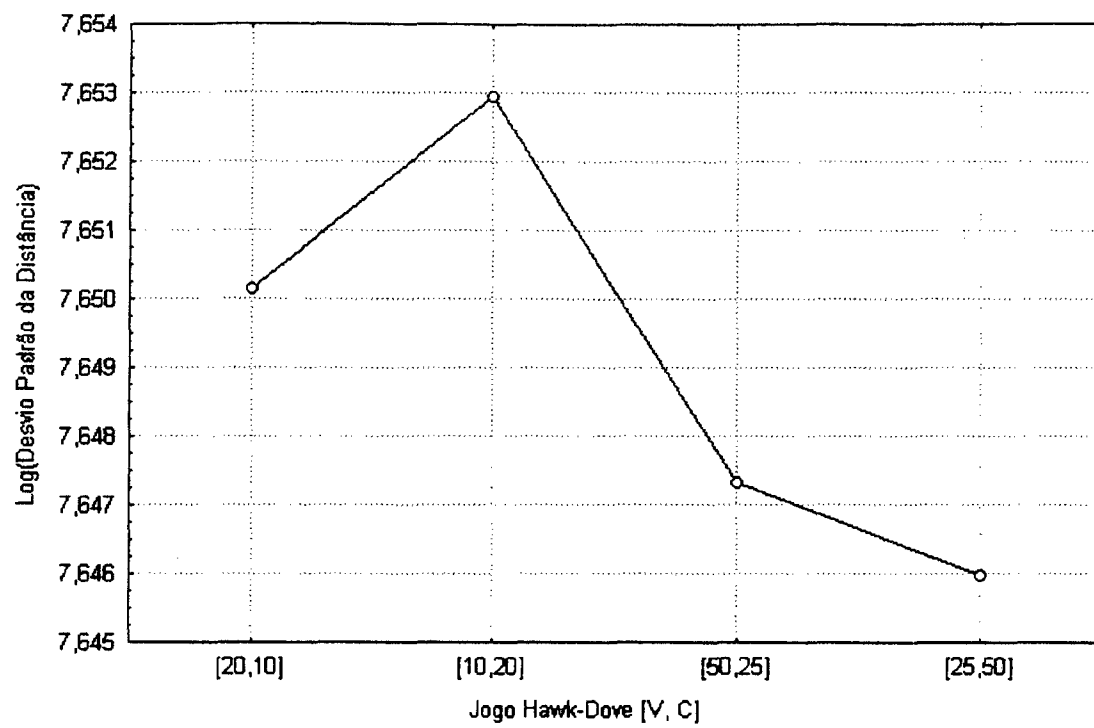


Figura G.15 – Análise do fator Jogo Hawk-Dove para o desvio padrão da Distância

ANEXO H

Tabela H.1 – Análise descritiva da variável Geração no método HDR

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	5.548,50	3.489,669	1.093	9.820
HDR Aleatório	10	4.250,00	3.083,628	990	9.695
HDR Hawk	10	5.849,50	3.205,808	1.118	9.885
HDR Dove	10	4.924,40	3.602,837	864	9.430
HDR TFT25	10	3.021,90	1.780,870	480	5.850
HDR TFT50	10	5.422,10	3.145,532	702	9.977
HDR TFT75	10	4.413,00	3.228,801	742	9.462
HDR Misto	10	4.330,90	2.933,163	1.132	9.672

Tabela H.2 – Análise descritiva da variável Distância no método HDR

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	23.597,30	1.689,023	21.457	25.999
HDR Aleatório	10	23.277,30	2.032,853	21.148	26.257
HDR Hawk	10	23.227,60	1.458,506	21.400	25.466
HDR Dove	10	23.019,80	1.542,975	21.513	25.640
HDR TFT25	10	21.854,50	706.048	20.509	23.162
HDR TFT50	10	23.618,20	1.688,144	21.457	25.933
HDR TFT75	10	21.932,30	605.693	21.148	23.097
HDR Misto	10	22.137,90	965.586	21.400	24.161

Tabela H.3 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	5.548,50	3.489,669	1.093	9.820
RHDSA Aleatório	10	1.328,20	1.221,295	132	3.952
RHDSA Hawk	10	3.094,00	3.475,939	70	9.299
RHDSA Dove	10	1.495,40	2.370,732	74	7.193
RHDSA TFT25	10	4.633,00	3.941,406	256	9.816
RHDSA TFT50	10	5.255,70	3.252,350	1.104	9.893
RHDSA TFT75	10	2.460,30	2.610,187	105	6.492
RHDSA Misto	10	1.267,10	2.752,346	73	8.845

Tabela H.4 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	23.597,30	1.689,023	21.457	25.999
RHDSA Aleatório	10	23.872,40	2.283,881	21.650	27.091
RHDSA Hawk	10	24.126,40	1.789,305	22.160	27.626
RHDSA Dove	10	24.846,70	2.039,598	21.486	27.166
RHDSA TFT25	10	23.762,50	1.630,413	21.486	26.715
RHDSA TFT50	10	23.515,20	2.562,153	20.409	27.166
RHDSA TFT75	10	23.401,10	2.056,951	21.400	27.386
RHDSA Misto	10	24.696,10	2.129,331	22.077	27.945

Tabela H.5 – Análise descritiva da variável Geração no método RHDSA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	5.548,50	3.489,669	1.093	9.820
RHDCA Aleatório	10	3.493,00	2.592,824	206	7.368
RHDCA Hawk	10	3.314,40	3.242,611	214	9.005
RHDCA Dove	10	4.226,80	3.409,244	128	8.897
RHDCA TFT25	10	4.316,90	3.003,287	374	9.169
RHDCA TFT50	10	2.978,40	2.463,053	299	7.411
RHDCA TFT75	10	4.762,60	2.713,363	167	7.913
RHDCA Misto	10	1.297,70	1.918,053	77	5.739

Tabela H.6 – Análise descritiva da variável Distância no método RHDCA

Conjunto	Amostras	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo
Tradicional	10	23.597,30	1.689,023	21.457	25.999
RHDCA Aleatório	10	24.112,60	2.121,576	20.409	27.315
RHDCA Hawk	10	24.509,60	1.667,011	21.400	26.797
RHDCA Dove	10	24.510,30	1.613,450	22.551	26.737
RHDCA TFT25	10	23.171,60	1.804,610	21.650	26.182
RHDCA TFT50	10	23.178,60	1.600,399	21.537	25.873
RHDCA TFT75	10	23.865,30	2.414,095	21.650	29.262
RHDCA Misto	10	24.122,80	2.536,504	21.400	28.884

ANEXO I

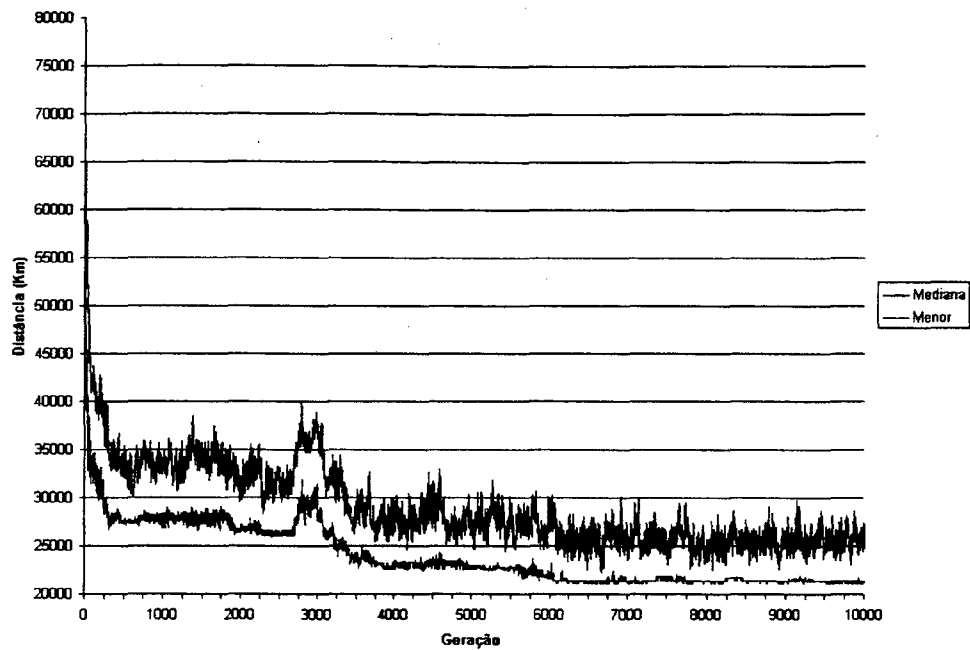


Figura I.1 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Aleatório

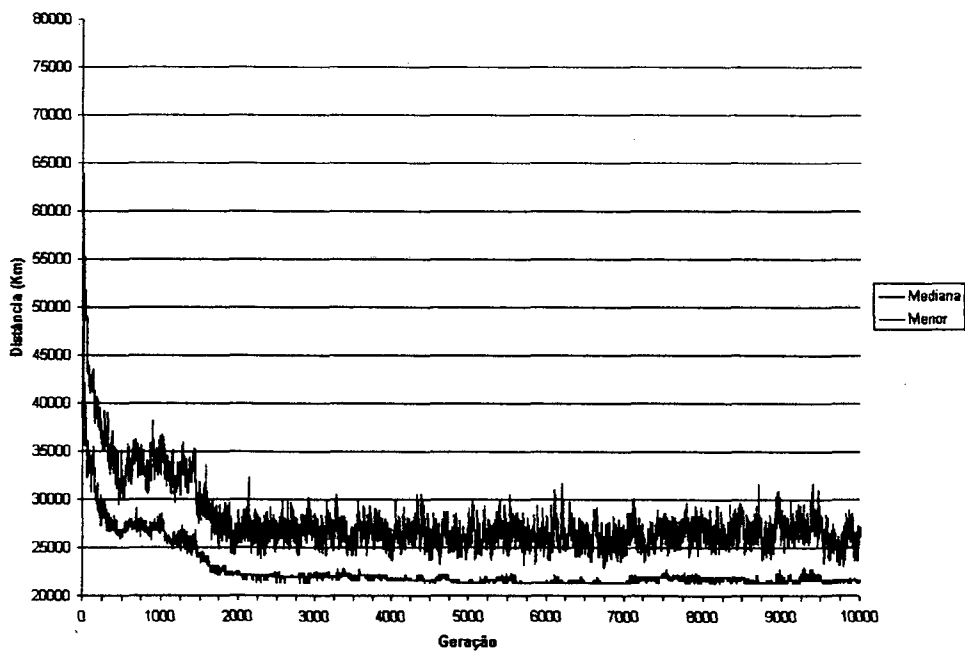


Figura I.2 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Hawk

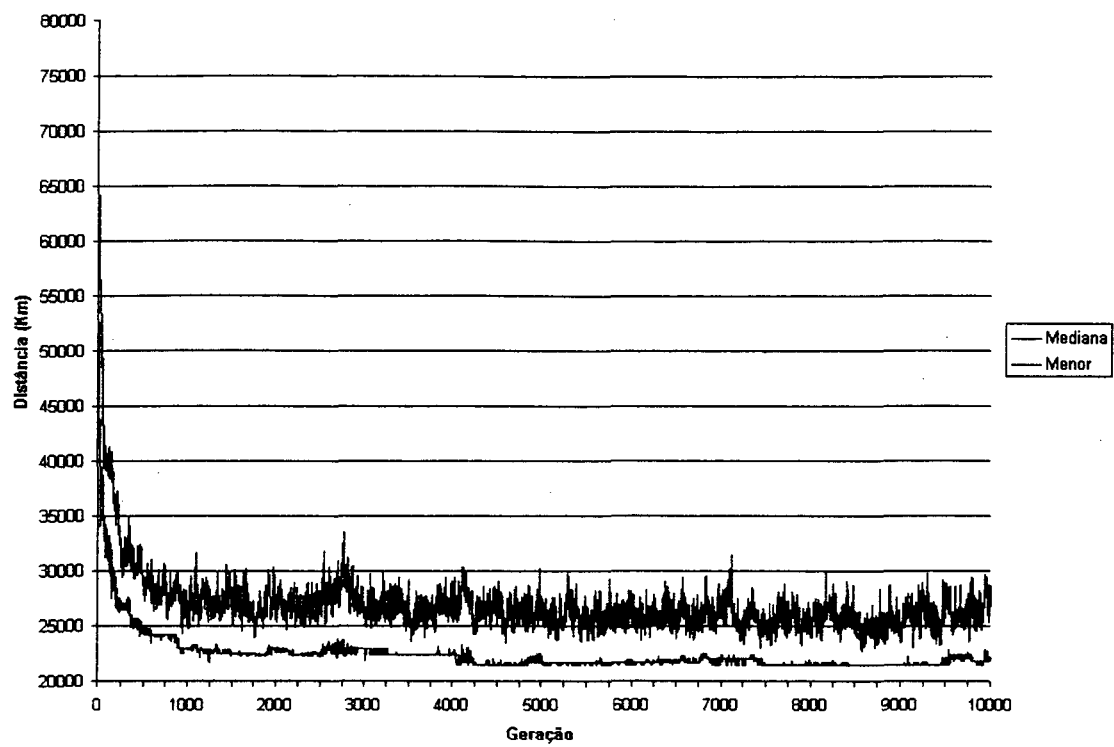


Figura I.3 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Dove

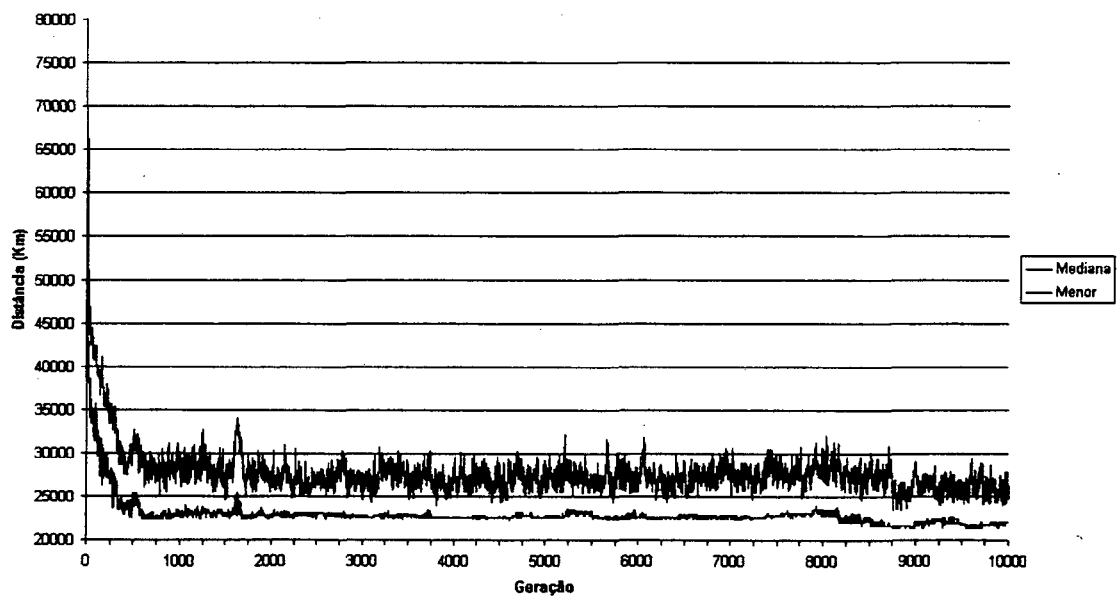


Figura I.4 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT50

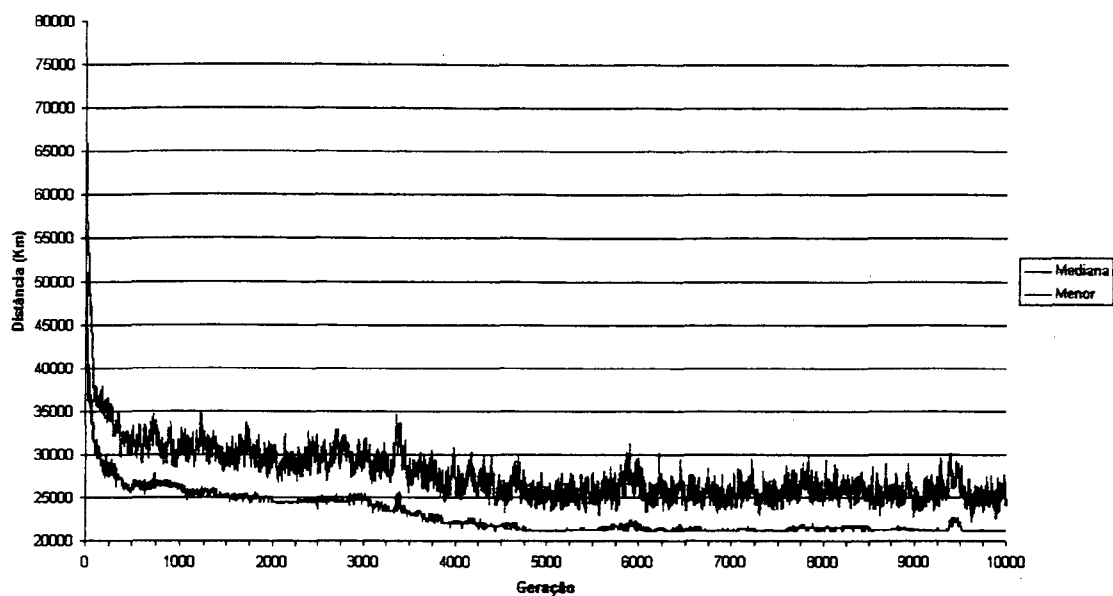


Figura I.5 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia TFT75

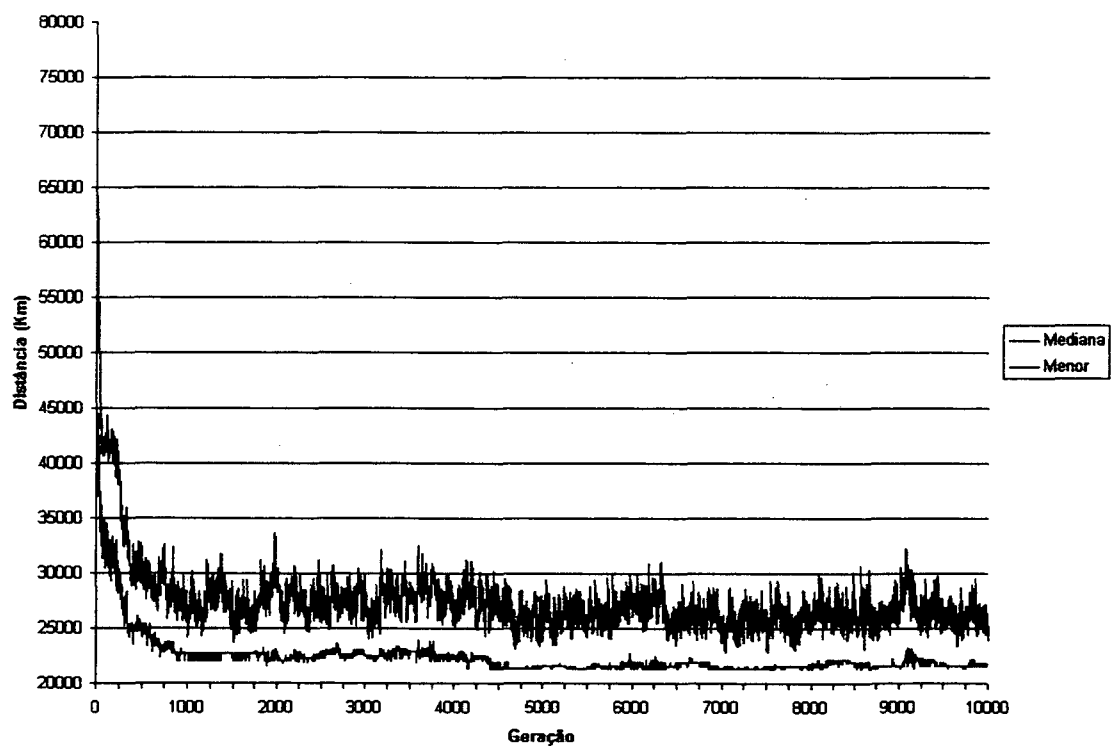


Figura I.6 – Desenvolvimento do método HDR usando a estratégia Misto

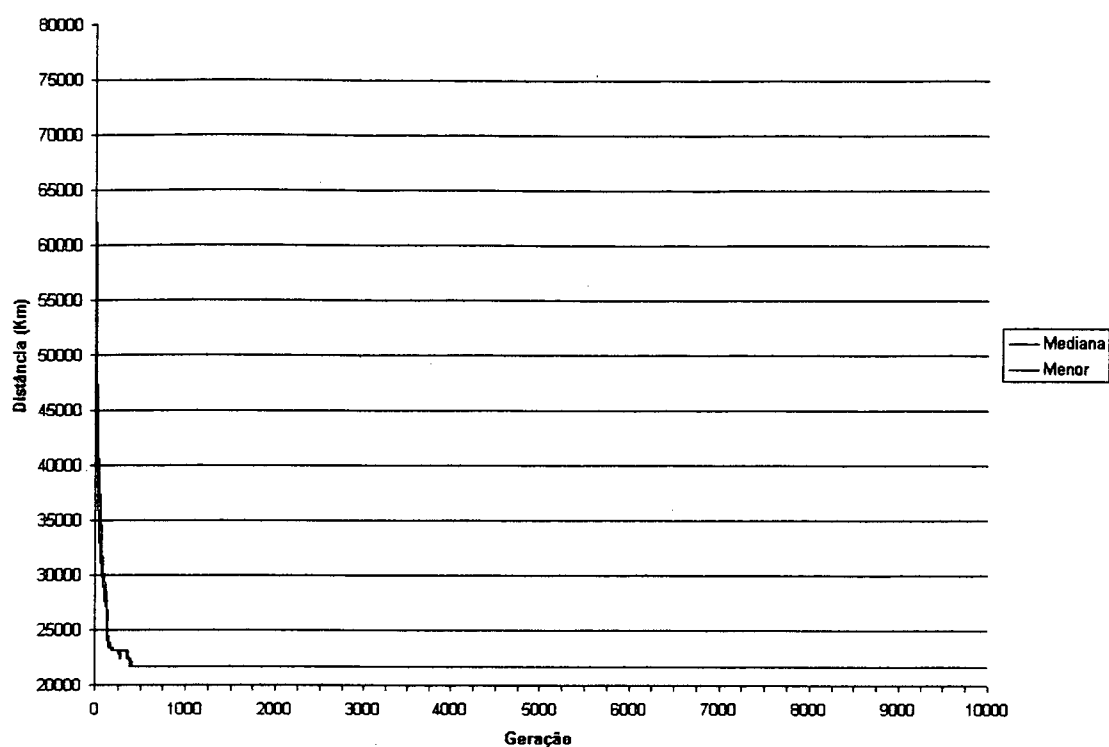


Figura I.7 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Aleatório

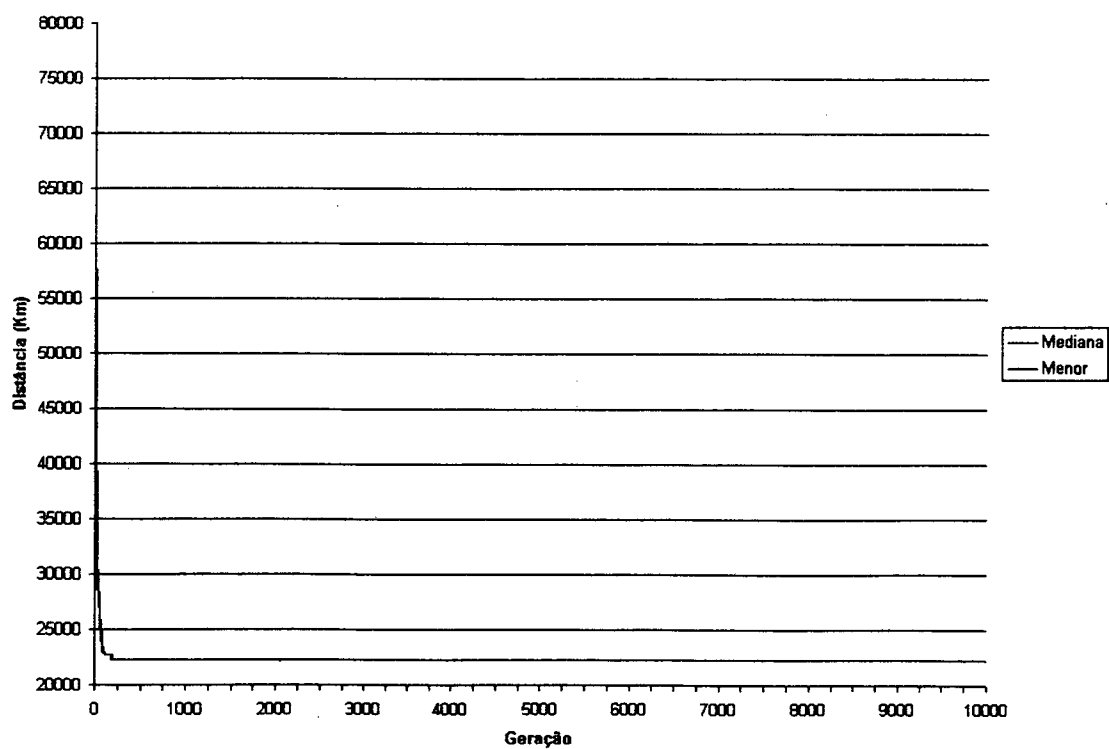


Figura I.8 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Hawk

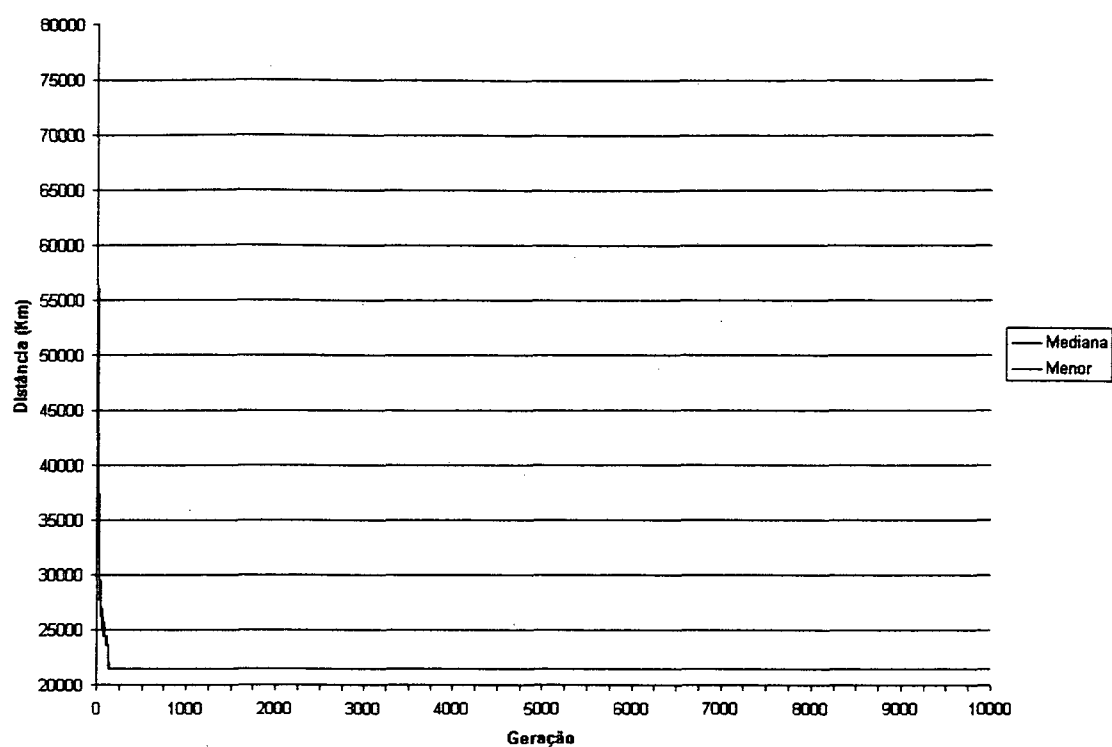


Figura I.9 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Dove

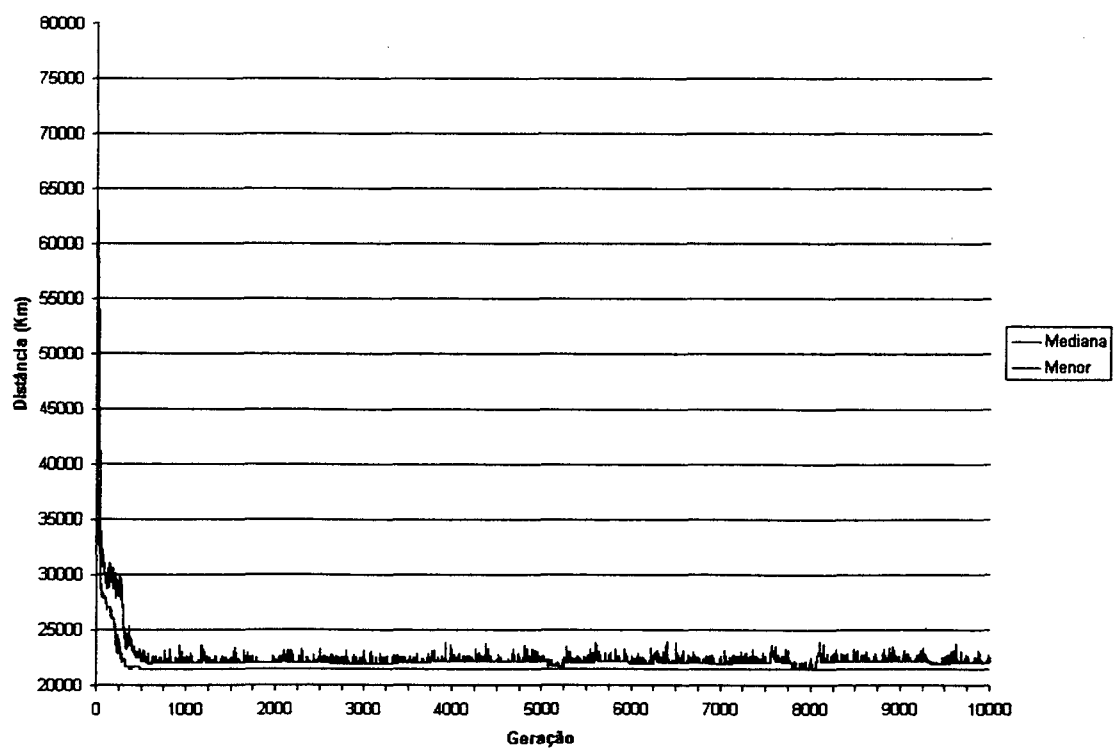


Figura I.10 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT25

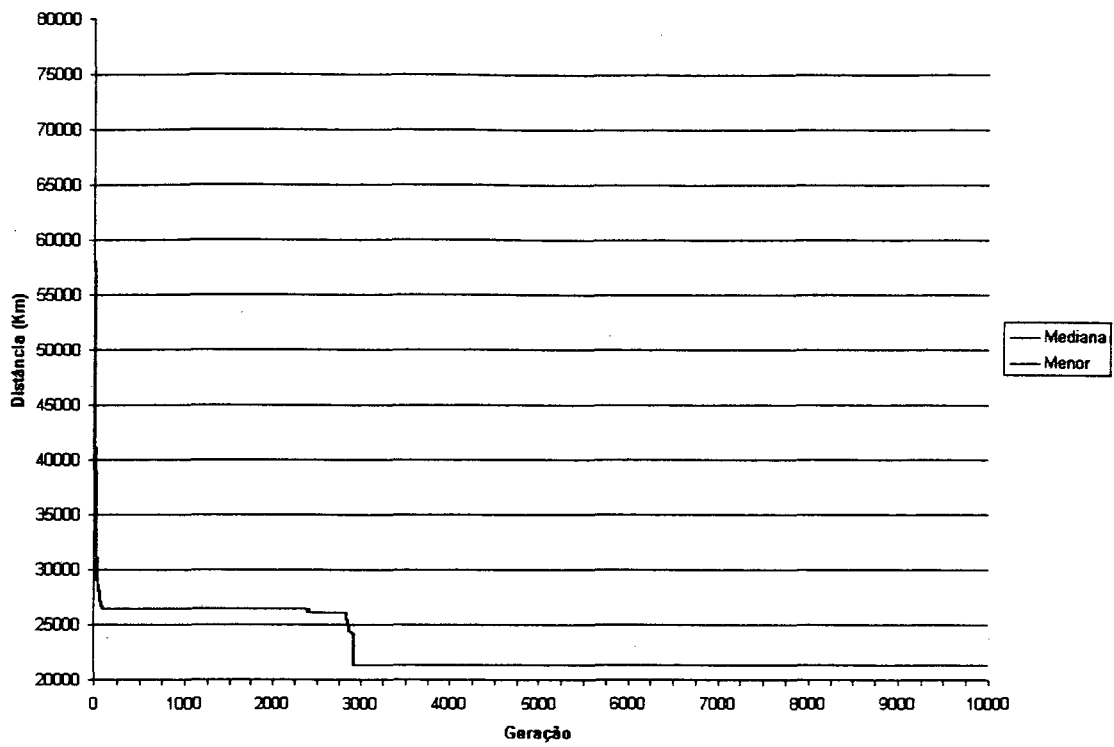


Figura I.11 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia TFT75

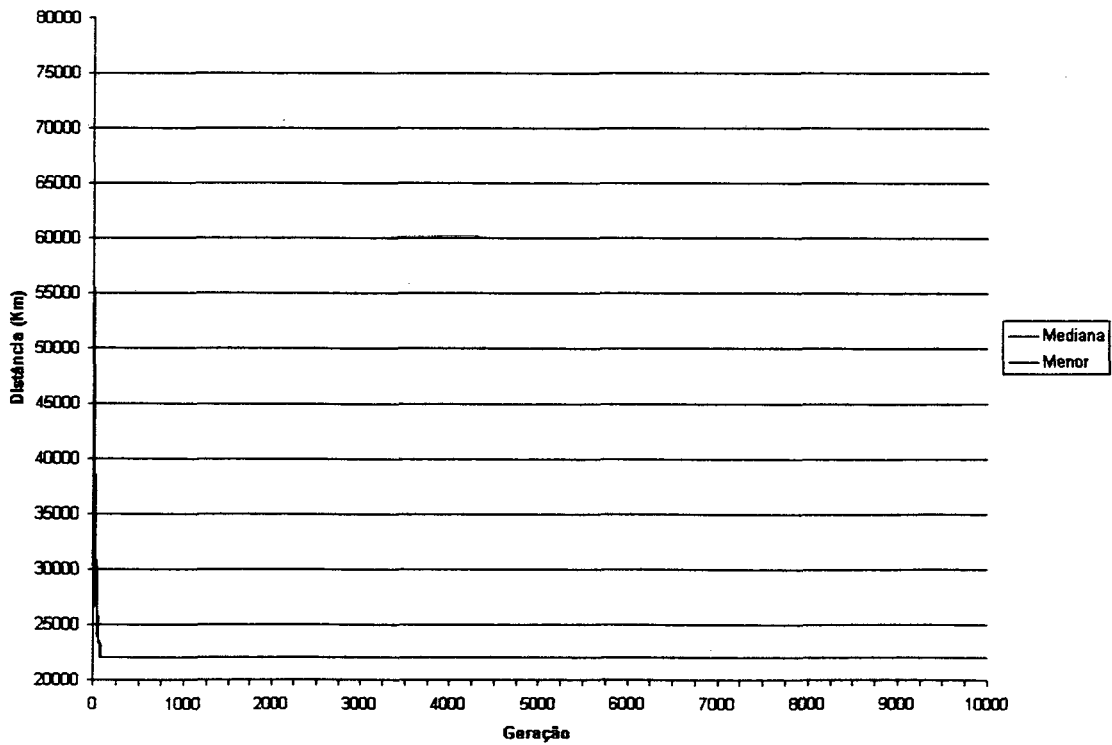


Figura I.12 – Desenvolvimento do método RHDSA usando a estratégia Misto

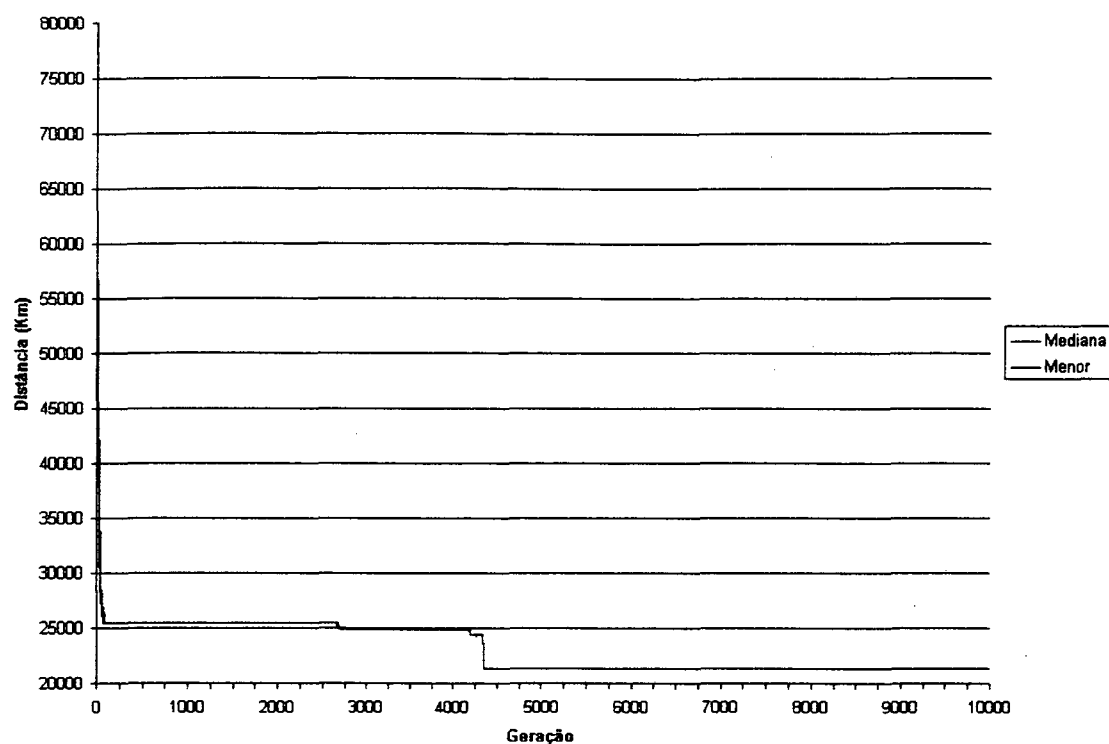


Figura I.13 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Hawk

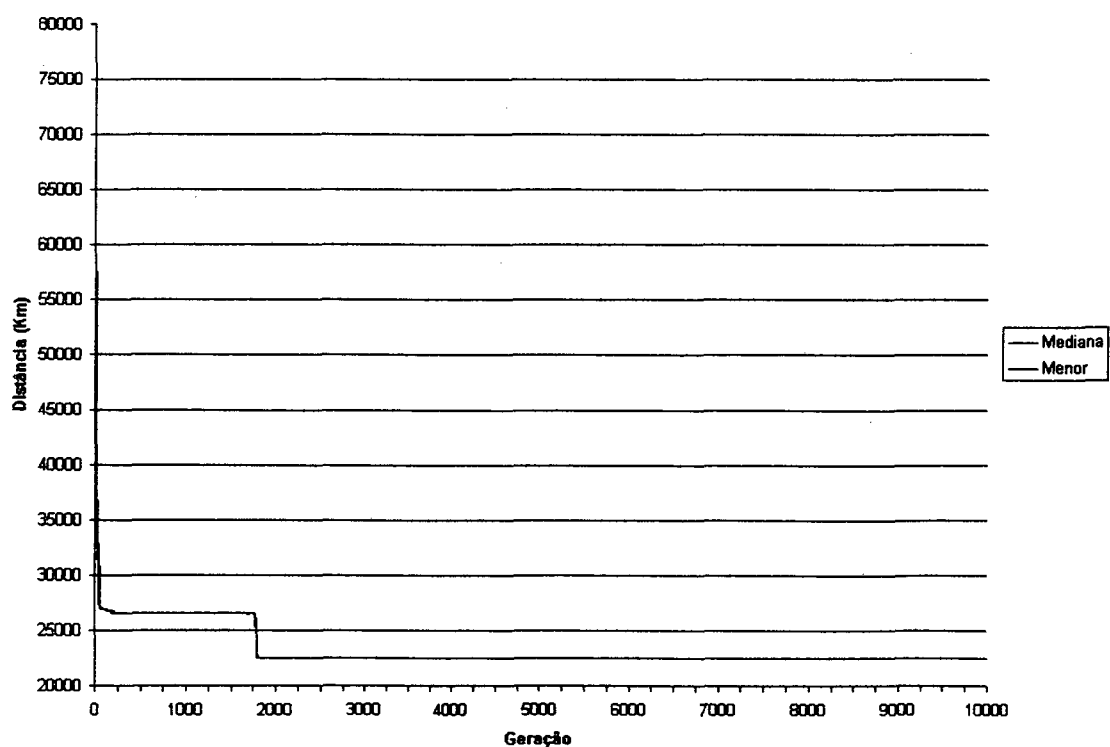


Figura I.14 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Dove

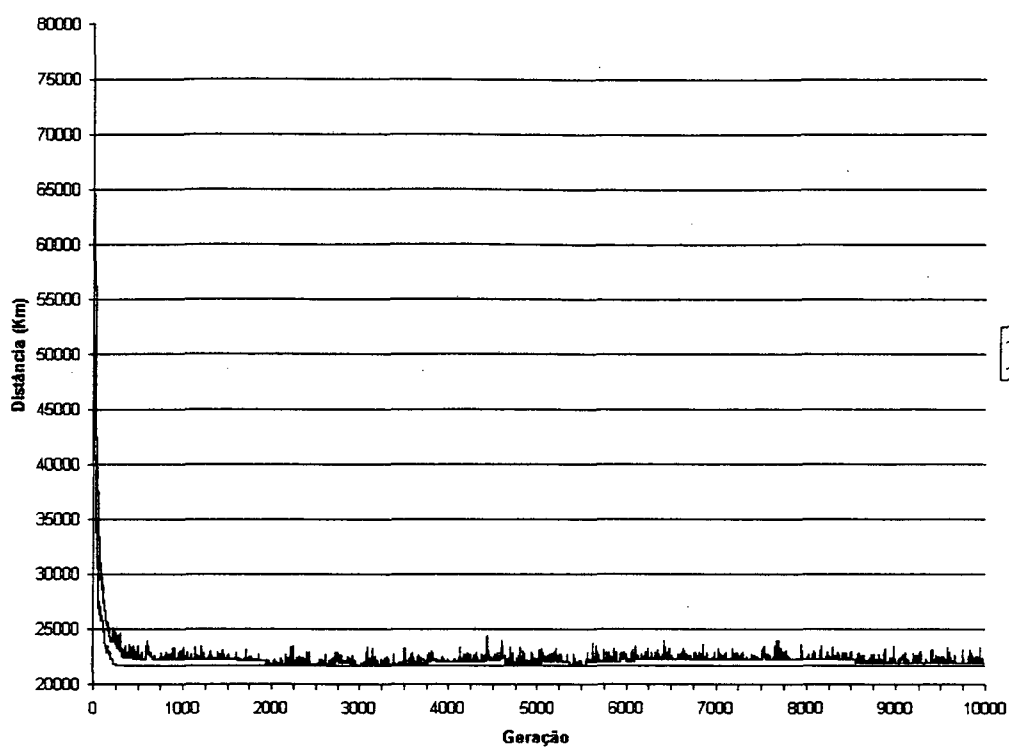


Figura I.15 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT25

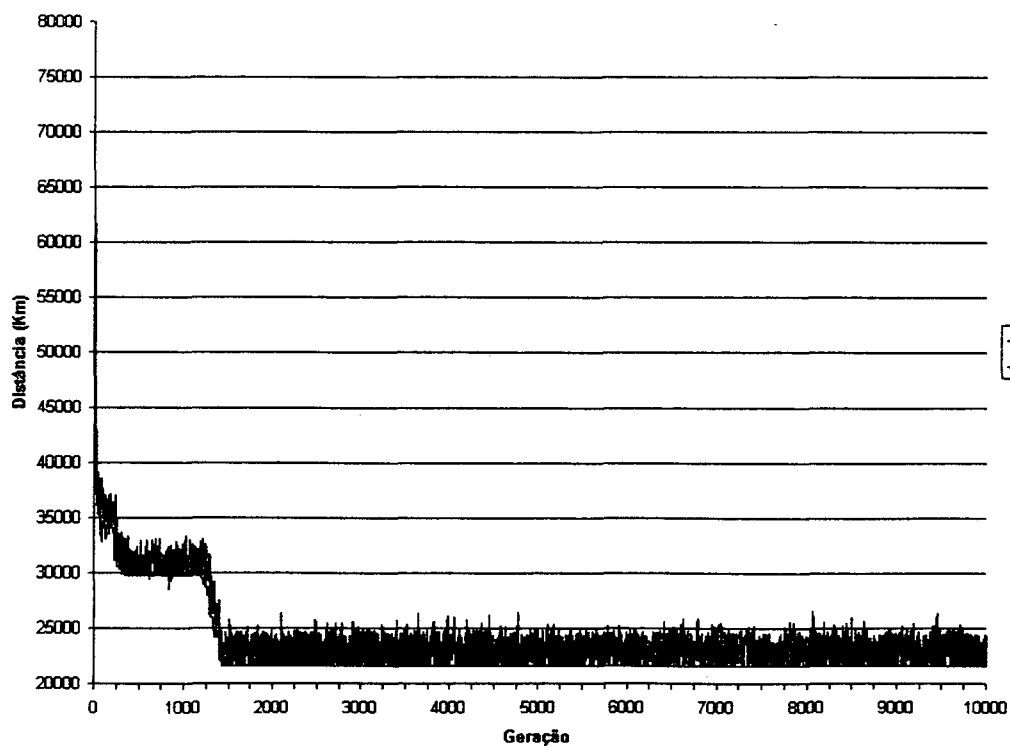


Figura I.16 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT50

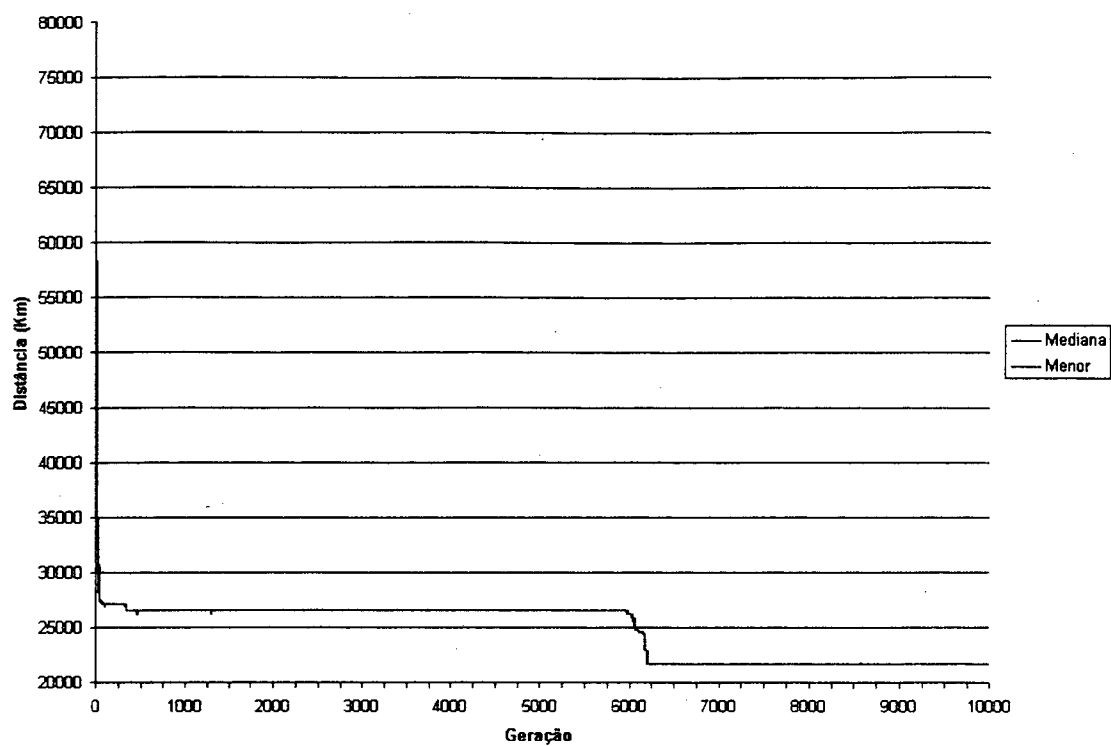


Figura I.17 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia TFT75

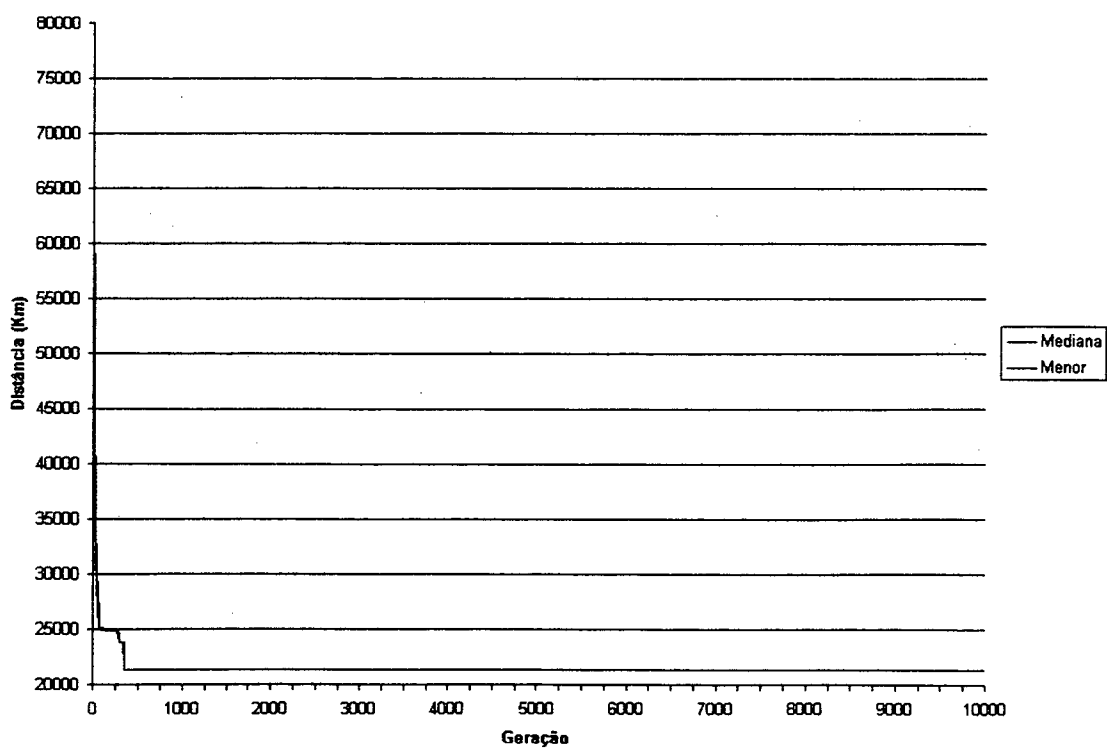


Figura I.18 – Desenvolvimento do método RHDCA usando a estratégia Misto